

**BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND**

EN

DE 99/909

09/646569

**Bescheinigung**

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe"

am 20. März 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, C 12 N und A 61 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 29. April 1999

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag

Joost

Aktenzeichen: 198 13 835.0



**PRIORITY DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH  
RULE 17.1(a) OR (b)

**Kopie für Priobeleg 198 13 835.0**

**Zeichen der Anmelderin:  
51572ADEM1XX24-P**

## Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

- 40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine  
5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160.  
10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 aufweisen.  
15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.  
25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.  
30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 enthalten.  
40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.  
45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten  
50

BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Es wurde ferner gefunden, daß bestimmte Nukleinsäure-Sequenzen auch im Fettstoffwechsel eine Rolle spielen. Die Erfindung betrifft deshalb auch die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.: 3, 37, 45, zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

## 15 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

25	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
30	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
40	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

30

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

35

#### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
40	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
45	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
50	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254

	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
5	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
20	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
30	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
35	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0462			
	Prostata	0.0321			
40	Sinnesorgane	0.0542			

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

60		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2291
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000

	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
5	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0173	0.0000	undef	0.0000
10	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
15	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
20					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
30	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
40	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
45	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

### 50 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

55

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0143	0.0000	undef
10	Gehirn 0.0093	0.0044	2.1288	0.4698
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0071	0.0064	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0205			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

[illegible]

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0790	0.0435	1.3185	0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenn darm	0.0530			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0476
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0291
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	9.5621	0.1169
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8479
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
40	Lunge 0.0074
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0558

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

30

35455065

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0340
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0064	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust 0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0327			
	Duenn darm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0244			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
40	Lunge 0.0074
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0651	0.0204	3.1823	0.3142
	Brust 0.0400	0.0065	6.1158	0.1635
	Eierstock 0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0163	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal 0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0119	0.0066	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch 0.0196	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz 0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0174	0.0047	3.6870	0.2712
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0120	1.7130	0.5838
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0214	0.0362	0.5922	1.6886
	Uterus 0.0430	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0254			
	Duenndarm 0.0343			
	Prostata-Hyperplasie 0.0297			
	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0092			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0197			
	Herz-Blutgefasse 0.0041			
40	Lunge 0.0185			
	Niere 0.0309			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0816			
	Eierstock-Uterus 0.0160			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0105			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0385			
60	Sinnesorgane 0.0000			
65				

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5			
	Blase	0.0000	undef
	Brust	0.0187	9.5621
	Eierstock	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	undef
	Haut	0.0050	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065
	Herz	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077
20	Muskel-Skelett	0.0000	undef
	Niere	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110
	Penis	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036	
	Duenndarm	0.0000	
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	
	Samenblase	0.0000	
30	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	
		FOETUS	
35		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefasse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
45	Sinnesorgane	0.0000	
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50			
	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
55	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
60	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0139	0.0128	1.0911	0.9165	
		Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363	
		Eierstock	0.0030	0.0182	0.1669	5.9900	
10		Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698	1.4930	
		Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
		Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	
		Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000	
15		Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
		Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
		Herz	0.0170	0.0275	0.6166	1.6218	
		Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
		Lunge	0.0174	0.0071	2.4580	0.4068	
		Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	
		Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0469	0.9552	
		Niere	0.0297	0.0137	2.1708	0.4607	
		Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
		Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
		Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
		Uterus	0.0017	0.0285	0.0580	17.2351	
		Brust-Hyperplasie	0.0036				
		Duennndarm	0.0062				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0000				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0339				
40		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0275				
		Herz-Blutgefuesse	0.0041				
		Lunge	0.0111				
		Niere	0.0124				
45		Prostata	0.0249				
		Sinnesorgane	0.0419				
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0411				
		Endokrines_Gewebe	0.0245				
55		Foetal	0.0525				
		Gastrointestinal	0.0122				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0259				
		Hoden	0.0000				
60		Lunge	0.0082				
		Nerven	0.0060				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.9321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0160
50	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0256
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0179		0.0000	undef
	Brust	0.0466		0.0131		3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304		0.0130		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237		0.0300		0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136		0.0238		0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424		0.0263		1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198		0.0065		3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265		0.0687		0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0336		0.0236		1.4221	0.7032
	Magen-Speiseroehre	0.0483		0.0307		1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154		0.0240		0.6424	1.5567
	Niere	0.0119		0.0274		0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133		0.0166		0.8000	1.2501
	Penis	0.0359		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0170		0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291					
	Duennndarm	0.0187					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0277					
	Gehirn	0.0188					
	Haematopoetisch	0.0236					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0368					
	Lunge	0.0407					
	Niere	0.0309					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0228					
50	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0280					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0171					
55	Haut-Muskel	0.0648					
	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0221					
	Prostata	0.0192					
60	Sinnesorgane	0.1393					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0114
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550	3.9208
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0128	0.9322	1.0727
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0183
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock 0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
10	Gehirn 0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden 0.0366	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duennndarm 0.0218			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0123			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock-Uterus 0.0046			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0070			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0285			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0256			
	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957	10.4512
	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0118	0.6321	1.5821
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0238	0.0192	1.2429	0.8046
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
10	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.9187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust 0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0618	.		
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestenstinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaessee 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.1632			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

354045505565

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:120:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

GGECSEFGHCE ASGRGSDCSR THGREEALTG LPACEVSGLE VQRSPADKDG IRHEVP 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

PSLPQVPLQA CVSAYLCGDP AAAGAQAQPG PQGPALPRKH GGSKREEGHH GLQS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



22

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

PGGCEGENVL LATVKPQEGA RIAQGPMGER RL

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60  
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ 120  
KGQKWQPPSE QGTRH 135

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESEMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
EAAATTGKLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN 120
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ 180
LQDCFRLEIK AQQAPEGQPR LDQSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSG 240
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL 300
LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

IAMTPPNATE ASKPQGTTCV PPCDNELKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNAGDC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK 120
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

WATPNHYCFL KVFSPSSPGT ALTALQSKHW TTRAWLTKG

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:111:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

RYFHPLRLVQ PSQLFRASGT LQGHGSQKVN GWGLPSPG

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```
NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ 120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNIDEFGH RPHKDLWASK 180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL 240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS 300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV 360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLE MENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS 420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYDEDEDE E 471
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 109 :

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```
SLLLPKGIFT LFAWYSPHSS SEQALDYKGM AHKRLMDGGY LALANSPSIP NSLSLFEEKC 60
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60  
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60  
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSGRRSR RQGWWTKVGV RLKSGSETRF DHTHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL 120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR 180
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

SEARNAPSGT AOTFAMGFMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT 120
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60  
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPDDSPHCWA 60  
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV 120  
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKES

59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSADADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPPKG 60  
 SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVSA NANVTVTIQG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ 240
RKIYNGEEQI DCWFARNNAI KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCDF VSFL 54

```

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

GFHPTFVRLV SNSLTFVIPP RLGLPKVPGI TRHEPITPWS TFF

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMG GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNATIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLNRNK 60  
 GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF 120  
 SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP 180  
 ETEVLEVN 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(A) LÄNGE: 290 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WWEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRYP 120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNVDYYIRG ATTTFSAYER 180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE 120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK 180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA 240
KLGGKKVI 247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

KRCQRKQPLR GIGILKQAIK KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL 120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD 180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA 240
SINQKDGMSV FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG 300
SQEDDSGNKP SSYS 314

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60  
PKPLVCAELA L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKL DK 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 411 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKHNH LQ THDPNKMAFG CEEOGKKYNT MLGYKRHLAL 60  
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR 120  
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF 180  
QLKAAALPPF PLGASAQNG L ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG 240  
SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA 300  
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP 360  
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGT V SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHNAF R 411

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60  
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

FIANSLISHA SMLANSLTNV LGWGPEGREH HESTACEAGL LRGRHLHANGG TDFRTSLDGL 60  
SCLGQEGAGS GQELVLLWP THPRFPAPPP HSGSCAVREV WGGSRLYSCQ ACGHYQLSVR 120  
PPVSPSLGKA SKDLGFHCSI FRQVGIRDEA LPLGGCPSSV ASRSCCR 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVGNGLGK KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQAFT 60  
VS 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

39

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```

tccttgagga gtgggcatte tgggcccagcc ggcgtgggt tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgtgctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttcagc agccctggc tctgcggcgt ctcttcggg ctgtgggcat 900
gcagggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgccc gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc ccgcgccag cccagcccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg 1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggctgacc ccttgagcag cagtcagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcgccttcc tctgtccttc ctgctcttcc ttctctgccc 1260
aggcgcgtgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttctgtgtgt 1320
ggtgtctgga ccccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctgggggtg ggtctgttgt 1380
ggtccttcca cgggtgctagt ggctgaagt cctcgtctt tggggggggg gtctctcacc 1440
cccaggccac ataggggcag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggtctg 1500
ggatgctctg tgaccccagc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac 1560
cctgcagtga ggaagaggc caccaggtgg cagcacagcc acaccgctc ccacgtcaga 1620
ggaggccaag gctgggtact cagcagccac tctgagccg ggtccttcc aggagctgaa 1680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc tgggtactca tgccaagcag agactggat 1740
taggggttct gtgtctcttc ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtgttcca 1800
gaaggagaag tgagtttggc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgc 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgctgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcaggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accttcctg ggagctctt gagccttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtctctgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt tttaagtgt 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt atttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggcgtgtggc 2280
agaatcgac cgccccggct ccccagccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgctgggtg taactgcgct gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa 2419

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

IASARLEEVT GKQLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAAVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIP DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
PPPGCS 366

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtao cccggccccc tgctgcgcgc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
agagcgcgga gccgctgggg cccggcgccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
togaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgaacg ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcaactggc caaactgggc ccgcgcgcga tgctctgcc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcattctc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcgcgcgc ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgctcgctgc gctctgctct ctcatacgcg tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc cttgcgcgcg ttccacctcc caggccaccc ttcttgggct 480
tctggggccac ctgcctcggc ggggccccct cgagggtgac tggagtcccc acgtgtcccg 540
gggctttttc aggaagcccg agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gctccttttc ttgcagtgtt tttctacaa ccagattgta ttaatatatt 660
ttactttgct ctttataaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc

```

747

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgtcgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccagtgagg gcagggcagt tctgctttat tcagcccttg catgagcggg tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggtc gtctgcccc ggctgcgct 240
ggacctgcta agtggccccc agtggcagcg aggtcccggt cccggggctg ggggtggaga 300
ccccgggctg agtgcctgtg cttctctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgca cgttggtcac tgcgaggcga gtggcggtct ttctgtttct gccttgtccc 420
tccccacggt acctgggttc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagtgt agaacagaac 480
attccataaa ggataatttc taataggctg caagatgctg atgcccagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta tttagaaagg tottagattg tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgccgag acattttctg gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gggggagagg atgccttgga gaaccgtcct ccagtggtg aaggcccttt 720

```

```

ttttttcttt cctgtaaaga aacatttctt ttgaacttga ttgcctatgg atcaaagaaa 1260
ttcagaacag cctgcctgtc ccccgccact ttttacatat atttgtttca tttctgcaga 1320
tggaaggttg acatgggttg ggtgtcccca tccagcgaga gagtttcaaa agcaaaacat 1380
ctctgcagtt tttcccaagt accctgagat acttcccaaa gcccttatgt ttaatcagcg 1440
atgtatataa gccagttcac ttagacaact ttacccttct tgtccaatgt acaggaagta 1500
gttctaaaaa aaatgcatat taatttcttc ccccaaagcc ggattcttaa ttctctgcaa 1560
cactttgagg acatttatga ttgtccctct gggccaatgc ttatacccag tgaggatgct 1620
gcagtgaggc tgtaaagtgg cccctgcgg ccttagcctg acccgaggga aaggatggta 1680
gattctgtta actcttgaag actccagtat gaaaatcagc atgccgcct agttacctac 1740
cggagagtta tcctgataaa ttaacctctc acagttagtg atcctgtcct tttaacacct 1800
tttttgtggg gttctctctg acctttcctc gtaaagtgtc ggggacctta agtgatttgc 1860
ctgtaatttt ggatgattaa aaaatgtgta tatatattag ctaattagaa atattctact 1920
tctctgttgt caaactgaaa ttcagagcaa gttcctgagt gcgtggatct gggcttagt 1980
tctggttgat tcactcaaga gttcagtgtc catacgtatc tgctcatttt gacaaagtgc 2040
ctcatgcaac cgggccctct ctctgcggca gagtccttag tggaggggtt tacctggaac 2100
attagtagtt accacagaat acggaagagc aggtgactgt gctgtgcagc tctctaaatg 2160
ggaattctca ggtaggaagc aacagcttca gaaagagctc aaaataaatt ggaaatgtga 2220
atcgagctg tgggttttac caccgtctgt ctccagagtc caggaccttg agtgtcatta 2280
gttactttat tgaagggttt agacctatag cagctttgtc tctgtcacat cagcaatttc 2340
agaacaaaaa gggaggctct ctgtaggcac agagctgcac tatcacgagc ctttgttttt 2400
ctccacaaaag tatctaacia aaccaatgtg cagactgatt ggcttggtca ttggtctccg 2460
agagaggagg tttgcctgtg atttcctaata tatcgctagg gccaaaggtg gatattgtaa 2520
gctttacaat aatcattctg gatagagtcc tgggaggtcc ttggcagaac tcagttaaat 2580
ctttgaagaa tatttgtagt tatcttagaa gatagcatgg gaggtgagga ttccaaaaaac 2640
attttatatt taaaatatcc tgtgtaacac ttggctcttg gtacctgtgg gtttagcatca 2700
agttctcccc agggtagaat tcaatcagag ctccagtttg catttggtat tgtaaattac 2760
agtaatccca tttcccaaac ctaaaatctg tttttctcat cagactctga gtaactggtt 2820
gctgtgtcat aacttcatag atgcaggagg ctccaggtgat ctgtttgagg agagcaccct 2880
aggcagcctg cagggaataa catactggcc gttctgacct gttgccagca gatacacagg 2940
acatggatga aattcccgtt tcctctagtt tcttctgtga gtaactcctc tttagatcct 3000
aagtctctta caaaagcttt gaatactgtg aaaatgtttt acattccatt tcatttgtgt 3060
tgttttttta actgcatttt accagatgtt ttgatgttat cgcttatgtt aatagtaatt 3120
cccgtaagtg ttcatttttt ttcatgctt tttcagccat gtatcaatat tcacttgact 3180
aaaatcactc aattaatcaa taaaaaaaaa aaaaaa 3216

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

ggatagatgc aggaagcgat ggtaagacc cattttcacc caactttctg ccgcagtcgt 300
gcttaccaca cgtccctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaattctat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattccctact tgggtctttt cctttaatct toggaggctg agtttgccc 480
actcagggtt aaccaccaaag gactctgaga gctggcaggc ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcct tcccaggct ggccggagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaaact gtttggaag ctaaatcttc cctcttaagt 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttgtaat attaa 814

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3216 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

ttcggcaact ggtggaggga gcctcgggtg gctgtgggag cgggggggga cagtgcctcg 60
ggaacccggg gggtoacaca cagcactgc gcctgtcagt agtggacatt gtaatccagt 120
cggcttggtt ttgcagcatt ccgcctccc tccctccata gccacgctcc aaaccccagg 180
gtagccatgg ccgggtaaaag caaggccat ttgattagg aagggtttta agatccgcaa 240
tgtggagcag cagccactgc acaggaggag gtgacaaacc atttccaaca gcaacacagc 300
cactaaaaca caaaaagggg gattgggcgg aaagtggag ccagcagcaa aaactacatt 360
ttgcaacttg ttggtgtgga tctattggct gatctatgcc tttcaactag aaaattctaa 420
tgattggcaa gtcacgttgt tttcaggctc agagtatgtt ctttctgtct gctttaaatg 480
gaaacagact cataccacac ttacaattaa ggtcaagccc agaaagtgat aagtgcaggg 540
aggaaaagtg caagtccatt atgtaatagt gacagcaaag ggaccagggg agaggcattg 600
ccttctctgc ccacagtctt tccgtgtgat tgtctttgaa tctgaatcag ccagtctcag 660
atgccccaaa gtttcgggtt ctatgagccc ggggcattgat ctgatcccca agacatgtgg 720
aggggcagcc tgtgcctgcc tttgtgtcag aaaaaggaaa ccacagttag cctgagagag 780
acggcgattt tcgggctgag aaggcagtag ttttcaaaac acatagttaa aaaagaaaca 840
aatgaaaaaa attttagaac agtccagcaa attgctagtc aggggtgaatt gtgaaattgg 900
gtgaagagct taggattcta atctcatgtt ttttctttt cactttttta aaagaacaat 960
gacaaacacc cacttatctt tcaaggtttt aaaacagtct acattgagca tttgaaaggt 1020
gtgctagaac aaggctctct gatccgtccg aggcgtcttc ccagaggagc agctctcccc 1080
aggcatctgc caagggaggg ggatttccc ggtagtgtag ctgtgtgggt ttcttctctg 1140
aagagtcctg ggttgcccta gaacctaaac ccccttagca aaactcacag agcttctcgt 1200

```

```

cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tggaggtgga gctgtccttc cgcaagggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgaggggacgc atcacgggca cggggcgcca aggcataatc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtctc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgta cccagcgcc cctcagccc 780
tgcgacgccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctccccccgt cgcactggct 840
tctccttccc caccagggag cctagacccc agaccagaa tcttggcacc cctggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc cctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat acaactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccg aggacccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtgggtctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggagggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt cctcggacc cccctcgaag cccctggac 1320
tgattccca cccagactca caggcatttc tcccacagcc ctttcatttc ctccccacc 1380
cactcccaaa atacagaggt ctgctttgaa gcgagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgtt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc ccccacggg ttctctaac cagaaccagc ttctagcct cgtagagacc 1560
aaaggccgcc cccgcctgct ggggttcctc ccagacccc agcttgctgg ctgccctctt 1620
tgcttctggt cctccagctg ggtgtggggg ggcggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggct ggcaagagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat caccgcgac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattccc agggagactg ctgtgtgctg ccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatccct ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaag 1920
aaaaaataag attggggggg aggaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag cggggcctgc gcggtagtgg gaccgcaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggctt gggaagggct cgcggggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttccctg catgatgctg gggagcttgg cgctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgccc cgaaggtacc caacctctg 240

```

```

ctcccccttc ttttttgtct caagattata ttataataat gttctctggg taggtgttga 1740
aatgagccct gtaatectca gctgacacat aatttgaatg gtgcagaaaa aaaaaaagaa 1800
accgtaattt tattattaga ttctccaaat gatttttcac aatttataat cattcaatat 1860
ctgacagtta ctcttcagtt ttaggottac cttgggtcatg cttcagttgt acttcagtg 1920
cgtctctttt gttcctggct ttgacatgaa aagataggtt tgagttcaaa ttttgcattg 1980
tgtgagcttc tacagatttt agacaaggac cgtttttact aagtaaaagg gtggagaggt 2040
tcctgggggtg gattcctaag cagtgcctgt aaaccatcgc gtgcaatgag ccagatggag 2100
taccatgagg gttgctatatt gttgttttta acaactaatc aagagttagt gaacaactat 2160
ttataaacta gatctctat ttttcagaat gctctctac gtataaatat gaaatgataa 2220
agatgtcaaa tatctcagag gctatagctg ggaaccogac tgtgaaagta tgtgatctct 2280
gaacacatac tagaaagctc tgcattgtgt ttgtccttca gcataattcg gaagggaataa 2340
cagtcgatca agggatgtat tggaaacatg cggagtagaa attgttctct atgtgccaga 2400
acttcgacct tttctctgag agagatgac gtgcctataa atagtaggac caatgtttgt 2460
attaacatca tcaggcttgg aatgaattct ctctaaaaat aaaatgatgt atgatttgtt 2520
gttggcatcc cttttattaa ttcatataat ttctggattt ggggtgtgac ccagggtgca 2580
ttaacttaaa agattcacta aagcagcaca tagcactggg aactctggtt ccgaaaaact 2640
ttgttatata tatcaaggat gttctggctt tacattttat ttattagctg taaatacatg 2700
tgtggatgtg taaatggagc ttgtacatat tggaaaggct attgtggcta totgcattta 2760
taaagtgtgt gtgctaactg tatgtgtctt tatcagtgat ggtctcacag agccaactca 2820
ctcttatgaa atgggcttta acaaaacaag aaagaaacgt acttaactgt gtgaagaaat 2880
ggaatcagct ttaataaaaa ttgacaacat tttattacca caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2939

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gggggtgggg ggcctgattg cgcggtttcc ccgcccagag ctccgcccgg ccccgacggg 60
ccccggagca ggcgcccccg gccggccccg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttccgac cggctccctg gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttccatagg tcggaggagc tttgtctacc cttcctcaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggaggggg cagcccagcc agggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggcctcaagt 300
ttgacttcca ggcgcagtc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tcacaaagga ggtggacaag aactggcttg agggagagca ccacggccgc ctgggcctct 420
tcctgtctaa ttatgtggag gtgtgtcccc cagatgagat cctaagccc atcaagcccc 480

```

```

aatgtttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

gtccatctct tgggatacag ccttgagacc catgctgctg gcattgcagg aagtctgacc 60
aataagaaag ttcaacagaa ttactggcct cgatccagct ggacctaaact ttgagtatgc 120
agaagccccc agtcgtcttt ctctgatga tgcagatttt gtagacgtct tacacacatt 180
caccagaggg tcccctggtc gaagcattgg aatccagaaa ccagttgggc atgttgacat 240
ttaccogaat ggaggtactt ttcagccagg atgtaacatt ggagaagcta tccgcgtgat 300
tgcagagaga ggacttggag atgtggacca gctagtgaag tgctccacg agcgctccat 360
tcctctcttc atcgactctc tgttgaatga agaaaatcca agtaaggcct acaggtgcag 420
ttccaaggaa gcctttgaga aagggtctctg cttgagttgt agaaagaacc gctgcaacaa 480
tctgggctat gagatcaata aagtcagagc caaaagaagc agcaaaatgt acctgaagac 540
tcgttctcag atgccttaca aagtcctcca ttaccaagta aagattcatt tttctgggac 600
tgagagtga acccatacca atcaggcctt tgagatttct ctgtatggca ccgtggccga 660
gagtgagaac atcccattca ctctgcctga agtttccaca aataagacct actccttct 720
aattttacaca gaggtagata ttggagaact actcatgttg aagctcaaat ggaagagtga 780
ttcatacttt agctggtcag actggtggag cagtcccggc ttcgccattc agaagatcag 840
agtaaaagca ggagagactc agaaaaaggt gatcttctgt tctagggaga aagtgtctca 900
tttgacagaa ggaaaggcac ctgcggtatt tgtgaaatgc catgacaagt ctctgaataa 960
gaagtcaggc tgaaactggg cgaatctaca gaacaaagaa cggcatgtga attctgtgaa 1020
gaatgaagtg gaggaagtaa cttttacaaa acataccagc tgtttggggg gtttcaaaag 1080
tggattttcc tgaattttta tcccagccct acccttgta gttattttag gagacagtct 1140
caagcactaa aaagtggcta attcaattta tggggtatag tggccaaata gcacatctct 1200
caacgttaaa agacagtgga tcatgaaaag tgctgttttg tcccttgaga aagaaataat 1260
tgtttgagcg cagagtaaaa taaggctcct tcatgtggcg tattgggcca tagcctataa 1320
ttgggttagaa cctcctatct taattggaat tctggatctt tcggactgag gccttctcaa 1380
actttactct aagtcctcaa gaatacagaa aatgcttttc cgcggcacga atcagactca 1440
tctacacagc agtatgaatg atgttttaga atgattccct cttgctattg gaatgtggtc 1500
cagacgtcaa ccaggaacat gtaacttggg gagggacgaa gaaagggctt gataaacaca 1560
gaggttttta acagtcctca ccattggcct gcatcatgac aaagttacaa attcaaggag 1620
atataaaatc tagatcaatt aattcttaat aggccttctc gtttattgct taatccctct 1680

```

cagactttat	aaatgagata	tctacaaggc	acttaaagtg	ttacagatgt	tttaccttaa	1920
gaattattta	agttgtgttg	ggtaagaca	gttttcagtg	tacogtaaat	gttgtgtttt	1980
cagaaaaaga	caaaacgatg	gtgctgactg	gtttttctgta	tattgcacaa	cagtctctcaa	2040
atacactgat	gtatgaaact	attcatacat	caagcagcat	ttttttcact	ctccttagaa	2100
ttggaactat	gcagtttaagg	cagataaaaat	gtacagatgt	ttcataatatt	acagggttaca	2160
tatataaatc	aaaattttcct	atataaaaact	gattttgggat	ttgggggtgga	aatatttttga	2220
atattaattt	attttttaaa	atgcaagata	ggactttgtg	caatgtattt	ttgtaaatgc	2280
ttttcaaaat	atctgtcttt	ggtagtgtct	ctgctgtctg	caccaaattg	ataagatgct	2340
attaagaggt	ttaaataaag	agtttttaatt	tttaaaaagg	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	2400
aaa						2403

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

actaagattt	tatgtttggag	atactttcttt	aaataaccta	cagotttgggt	ctatggcttg	60
tgacccccag	attcàtggag	gggcttttagc	aatcagcttt	gtacatcatc	attttttctga	120
atgaccaatc	ccactaaaca	totttgaagt	cggcctagag	aggtocttca	gatgattcag	180
aaatagctgg	cttgtctgag	tccagatttc	tcatcaactg	gcaatacaaa	ggaaaaatatg	240
gtacaggagt	tagttagaaa	ggtcttattg	attttacttc	tactttttcac	tacagttaca	300
ggtagaatac	tgttaggaagt	cagtgcgaagg	tgcattgcttg	attgatagat	attgattgtt	360
tttcagttct	tggggtcagt	tttgtgtgtt	ctgctttctt	gcctaaatca	aagactattt	420
caagtcaaca	acactgaaaa	ctgctttttcg	cctccactct	tacagctgtg	cctaataata	480
attaattaat	aaacgcacag	ccctatgtga	acagacagga	attttctgtg	caatgtggag	540
caaattggaat	ggtctctctt	cgcaagtctt	tttaattctc	atatctggag	tacaagggtta	600
gacctctggc	ttaccacata	cactatgcta	aagtcattcag	ccactgctac	tacatcttgc	660
cagaagggtt	ccctcgccaa	caaacagttg	aaattttaagg	gaagaagcaa	aagctaaaact	720
gtctttgacc	ctaagataga	tagaaagcta	tttattttgtc	ttcagtggtc	aaggcatgac	780
tagtattttc	aattagccta	ataaattccc	acactttctg	aagtgaacac	taatgggtatt	840
gtcctactaa	aaactgtcat	gtttctttttt	ttttaactgg	tcagtcattc	acaataagct	900
atgagggtta	ataaatatgt	gttataacaa	gtaaaccgta	gttgcaagaa	tataccatga	960
agattaaagt	aggctgggtt	tcattttccat	cttcccacac	atctcattga	atttgatggt	1020
tgacttaatt	ggcaccataa	ctttgtatga	tattatacat	taacctttat	ttatgtaaag	1080
taaaatgccc	tatatattaa	agagtaagtg	caataaatatg	aaatagcctg	tacatttttaa	1140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaactcct	gttttccgaa	gatcagcaag	gcggttctct	ggaacagctg	ctgcagaggt	60
tctcatcaca	gtttgtgagc	aaaggcgact	tgcagacgat	gctgcgagac	ctgcagctgc	120
agatcctgcg	gaacgtcacc	caccacgttt	ccgtgaccaa	gcagctccca	acctcagaag	180
ccgtggtgtc	tgctgtgagc	gaggcggggg	cgtctggaat	aacagaggcg	caagcacgtg	240
ccatcgtgaa	cagcgccttg	aagctgtatt	ccaagataa	gaccgggatg	gtggactttg	300
ctctggaatc	tggtggtggc	agcatcttga	gtactcgctg	ttctgaaact	tacgaaacca	360
aaacggcgct	gatgagtctg	tttgggatcc	cgctgtggta	cttctcgcag	tccccgcgcg	420
tggtcatcca	gootgacatt	taccccggtg	actgctgggc	atttaaaggc	tcccaggggt	480
acctggtggt	gaggctctcc	atgatgatcc	accagccgc	cttcaactctg	gagcacatcc	540
ctaagacgct	gtcgccaaca	ggcaacatca	gcagcgcccc	caaggacttc	gccgtctatg	600
gattagaaaa	tgagtatcag	gaagaagggc	agcttctggg	acagttcacg	tatgatcagg	660
atggggagtc	gctccagatg	ttccaggccc	tgaaaagacc	cgacgacaca	gctttccaaa	720
tagtggaaat	tcggattttt	totaactggg	gccatcctga	gtatacctgt	ctgtatcggg	780
tcagagttca	tggcgaacct	gtcaagtga	gacactactc	attatttttg	tacatttttg	840
tataactggg	gacagcgtga	aacactggaa	tccttcatgg	acgagggcat	atacaatgat	900
gggacagtgc	cacactcctt	caataaacgt	ggctgctggc	cagaggacgt	gagcgtgtga	960
cgggcgcctt	ggcgccacct	gttggtgtgt	cactgcctct	gcaggtgcag	aggggtcagc	1020
agcaggagaa	gcgtgttgaa	cacgtggctc	tcagacactc	cttgttttta	acgggaagct	1080
ctttgcattt	gcattttcctc	aacaaaggag	caaagcagag	gaagctgaga	gtctggcgtg	1140
ttcttgacgc	tttgggtctc	agccttgcac	tggctcttct	aaaggacttt	tggaggcag	1200
ataatttcac	ctgttaaatc	caacacacat	ttctttcagg	gaaaaacaat	gtcaccaaat	1260
tttcagagtt	ctaaaactcct	ttccttcaag	cgggaatttt	ccttttttca	gcaccagtag	1320
gtactaagtc	tccagatggg	gaaataacta	aaatgtgttt	ttctgctttg	ttcgctctta	1380
cttctgagga	aggtttccag	tcaggactcg	ctgtaccaat	atccatggag	gaatatggga	1440
gcgtttcgct	ctccttgtag	gctgaagtoa	gtctgacttg	aaggggcctg	gtttggatct	1500
aagcaaacac	ccagatgggg	ttctctggtc	tcagcaaggc	ttttcctggt	gggagtcaca	1560
gtaaacagaa	acccaaaaat	ctcatctttg	gtgttttcag	ggcttggttt	gagttttgct	1620
gaatagggag	cgcaagacgc	cctgagcctc	cctctcactg	gtggtgataa	gaggagccgt	1680
ctggtgtgtc	agggtcacga	accggttaca	tttcaggacg	atcctttttc	cttcagcagc	1740
atttcttact	ggctgtgggt	ggaatctgcc	ttttatcaca	gctgtcacca	ttctcacgtg	1800
attcttgtga	gactcttttt	ggttataatt	actattttaat	atttagacta	ttttactgag	1860

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

gtcaggataa	cottaaggat	agatgaaggg	ttgagagcct	gtgcctcatt	tctgagttct	60
cagctgctat	gocgtggaaa	tctgttttac	tttctgcac	tgctcctgca	agactctgga	120
gccagtcttg	aggtoctaca	tctccgaaa	caagctcttc	tagaagttga	tagctttcca	180
atgattagac	gaattgattc	tttctgtgac	tcctcagttc	atttctctga	aaattcatgt	240
cttgctgttg	atttgtgaat	aagaaccaga	gcttgttaga	accacttta	tcatatccag	300
gagtttgcaa	gaaacagggtg	cttaacacta	attcacctcc	tgaacaagaa	aaatgggctg	360
tgaccggaac	tgtggggtca	tcgctggggc	tgtcattggt	gctgtcctgg	ctgtgtttgg	420
aggtattcta	atgccagttg	gagacctgct	tatccagaag	acaattaaaa	agcaagtgtg	480
cctcgaagaa	ggtacaattg	cttttaaaaa	ttgggttaaa	acaggcacag	aagtttacag	540
acagtttttg	atctttgatg	tgcaaaatcc	acagggaagt	atgatgaaca	gcagcaacat	600
tcaagtttaag	caaagagggtc	cttatacgtg	cagagtctgt	tttctagcca	aggaaaatgt	660
aaccacaggac	gctgaggaca	acacagttct	tttctgcag	cccaatgggt	ccatcttcga	720
accttcaacta	tcagttggaa	cagaggctga	caacttcaca	gttctcaatc	tggtgtgtggc	780
agctgcattcc	catatctatc	aaaatcaatt	tgttcaaatg	atcctcaatt	cacttattaa	840
caagtcaaaa	tcttctatgt	tccaagtcag	aactttgaga	gaactgttat	ggggctatag	900
ggatccatttt	ttgagtttgg	ttccgtaccc	tgttactacc	acagttgggtc	tgttttatcc	960
ttacaacaat	actgcagatg	gagtttataa	agttttcaat	ggaaaagata	acataagtaa	1020
agttgccata	atcgacacat	ataaaggtaa	aagggaatctg	tcctattggg	aaagtcactg	1080
cgacatgatt	aatgggtacag	atgcagcctc	atttccacct	tttgttgaga	aaagccaggt	1140
attgcagttc	ttttctctctg	atatttgcag	gtcaatctat	gctgtatttg	aatccgacgt	1200
taatctgaaa	ggaatccctg	tgtatagatt	tgttcttcca	tccaaggcct	ttgcctctcc	1260
agttgaaaac	ccagacaact	attgtttctg	cacagaaaaa	attatctcaa	aaaattgtac	1320
atcatatggg	gtgctagaca	tcagcaaatg	caaagaaggg	agacctgtgt	acattttcact	1380
tctctatttt	ctgtatgcaa	gtcctgatgt	ttcagaacct	attgatggat	taaaacccaaa	1440
tgaaagaagaa	cataggacat	acttgatgat	tgaacctata	actggattca	ctttacaatt	1500
tgcaaaacgg	ctgcagggtca	acctattggg	caagccatca	gaaaaaatcc	agtgaagtctc	1560
ttgaaaatgg	gtattttgat	atgatctgta	gtatcgtagt	atotttctgt	aaggacatga	1620
gtaaatctat	gtaagtaagt	gggaataaca	tctgggtatca	acttatcttt	agcttaattgt	1680
caccaatcag	tattaaatgc	ttatgactaa	tttcacagat	tttggaatgg	ttttatgggt	1740
ttattttgagc	atttgatagc	atctctgatt	ttgttagctg	cgcaaatatt	totatgacaa	1800
taattaatttt	ttggaattca	tat				1823

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agcttgccaa	ttctgtaact	ccttgggata	tcttgctgag	cttaattgca	gctgccactc	60
atgatctgga	tcctccaggt	gttaatccaac	ctttccttat	taaaactaac	cattacttgg	120
caactttata	caagaatacc	tcagtactgg	aaaatcacca	ctggagatct	gcagtgggct	180
tattgagaga	atcaggctta	ttctcacatc	tgccattaga	aagcaggcaa	caaatggaga	240
cacagatagg	tgctctgata	ctagccacag	acatcagtcg	ccagaatgag	tatctgtctt	300
tggttaggtc	ccatttggat	agaggtgatt	tatgcctaga	agacaccaga	cacagacatt	360
tggttttaca	gatggctttg	aaatgtgctg	atatttghta	cccatgtcgg	acgtgggaat	420
taagcaagca	gtggagtga	aaagtaacgg	aggaattctt	ccatcaagga	gatataaaaa	480
aaaaatatca	tttgggtgtg	agtccacttt	gcgatcgtca	cactgaatct	attgccaaca	540
tccagattgg	ttttatgact	tacctagtgg	agcctttatt	tacagaatgg	gccaggtttt	600
ccaatacaag	gctatcccag	acaatgcttg	gacacgtggg	gctgaataaa	gccagctgga	660
agggactgca	gagagaacag	tcgagcagtg	aggacactga	tgctgcattt	gagttgaact	720
cacagttatt	acctcaggaa	aatcggttat	cataaccccc	agaaccagt	ggacaaactg	780
cctcctggag	gttttttagaa	atgtgaaatg	gggtcttgag	gtgagagaac	ttaactcttg	840
actgccaagg	tttccaagtg	agtgatgcca	gccagcatta	tttattttcca	agatttcttc	900
tggttgatca	tttgaaccca	cttggttaatt	gcaagaccgg	aacatacagc	aatatgaatt	960
tggctttcat	gtgaaacctt	gaatatgcaa	agcccagcag	gagagaatcc	gaaaggagta	1020
acaaagggaag	ttttgatatg	tgccacgact	ttttcaaagc	atctaattctt	caaaacgtga	1080
aacttgaatt	gttcagcaac	aatctcttgg	aatttaacca	gtctgatgca	acaatgtgta	1140
tottgtacct	tccactaagt	tctctctgag	aaaatggaaa	tgtgaagtgc	ccagcctctg	1200
ctgcctctgg	caagacaatg	tttacaatc	aactctgaaa	atattggttc	taaattgcct	1260
tggagcatga	ttgtgaagga	accactcaaa	caaatttaaa	gatcaaaactt	tagactgcag	1320
ctctttcccc	ctggtttgcc	ttttctcttc	ttggatgcca	ccaaagcctc	ccatttgcta	1380
tagttttatt	tcattgactg	gaaactgagc	atttatcgta	gagtaccgcc	aagctttcac	1440
tccagtgccg	tttggcaatg	caattttttt	tagcaattag	tttttaattt	ggggtgggag	1500
gggaagaaca	ccaatgtcct	agctgtatta	tgattctgca	gtgaagacat	tgcatgttgt	1560
tttactact	gtacacttga	cctgcacatg	cgagaaaaag	gtggaatggt	taaaacacca	1620
taatcagctc	agggtatttg	ccaatctgaa	ataaaaagtgg	gatgggagag	tgtgtccttc	1680
agatcaaggg	tactaaagtc	cctttcgtctg	cagtgaagtga	gaggtatggt	gtgtgtgaat	1740
gtacggatgt	gtgtttgcgt	gcattgttgt	gcattgtgtga	ctgtgcatgt	tatgtttctc	1800
catgtgggca	aagatttgaa	atgtaagctt	ttatttatta	ttttagaatg	tgacataatg	1860
agcagccaca	ctcgggggag	gggaagggttg	gtaggtaagc	tgtaacagat	tgtctcagtt	1920
gccttaaaact	atgcacatag	ctaagtgacc	aaacttcttg	ttttgatgtg	aaaaaaagtgc	1980
attgttttct	tgctccctccc	tttgatgaaa	cgttaccctt	tgacgggcct	tttgatgtga	2040
acagatgttt	tctaggacaa	actataagga	ctaattttta	acttcaaaaca	ttccactttt	2100
gtaatttggt	ttaaattggt	ttatgtatag	taagcacaac	tgtaattctag	ttttaagaga	2160
aaccgggtgct	ttcttttagt	tcatttgtat	ttcccttggt	actgtaaaaag	actgttttatt	2220
aattgtttac	agtttgggtg	aacagccatt	ttcttgggag	aaagcttgag	tgtaaaagcca	2280
tttgtaaaaag	gctttgccat	actcatttta	atatgtgcct	gttgctgtta	actttttagt	2340
aataaaaaacc	tatctttttca	taaaaaaaaa	aaaaa			2375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcgggtcc actagggggg atgtttttctg ggcagccacc cgggtccccc 60
caggcccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct 120
agacotttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgt 240
gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacacgc gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccg cgcacatccct 480
cagggtcctc tggcctacct ggagcaggca tctgccaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aattttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttggt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccgc ggtgggtgtg agaaaagtat gtaaatgtgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc	cgccccgcgc	ctgtcagctc	cctcagcgtc	cgcccgaggc	gcggtgtatg	60
ctgagccgct	gccgcagccg	gctgctccac	gtcctgggcc	ttagcttcct	gctgcagacc	120
cgccggccga	ttctcctctg	ctctccacgt	ctcatgaagc	cgctggctcg	gttcgtccctc	180
ggcgggccccg	gcgcgggcaa	ggggacccag	tgccgccgca	tcgtcgagaa	atatggctac	240
acacaccttt	ctgcaggaga	gctgcttcgt	gatgaaagga	agaacccaga	ttcacagtat	300
ggtgaactta	ttgaaaagta	cattaaagaa	ggaaagattg	taccagttga	gataaccatc	360
agttttattaa	agagggaaat	ggatcagaca	atggctgcca	atgctcagaa	gaataaattc	420
ttgattgatg	ggtttccaag	aaatcaagac	aaccttcaag	gatggaacaa	gaccatggat	480
gggaaggcag	atgtatcttt	cgttctcttt	tttgactgta	ataatgagat	ttgtattgaa	540
cgatgtcttg	agaggggaaa	gagtagtggt	aggagtgatg	acaacagaga	gagcttggaa	600
aagagaatttc	agacctacct	tcagtcacaa	aagccaatta	ttgacttata	tgaagaaatg	660
gggaaaattca	agaaaaataga	tgcttctaaa	tctgtttgatg	aagtttttga	tgaagttgtg	720
cagattttttg	acaaggaagg	ctaattctaa	acctgaaagc	atccttgaaa	tcattgcttga	780
atattgcttt	gatagctgct	atcatgaccc	ctttttaagg	caattctaat	ctttcataac	840
tacatctcaa	ttagtggctg	gaaagtacat	ggtaaaacaa	agtaaaatttt	tttatgttct	900
tttttttgggt	cacaggagta	gacagtgaat	tcagggtttaa	cttcacctta	gttatgggtgc	960
tcaccaaacg	aagggtatca	gctattttttt	tttaaattca	aaaagaatat	ccctttttata	1020
gctttgtgctt	tctgtgagca	aaactttttta	gtacgcgtat	atatccctct	agtaatcaca	1080
acatttttagg	atttagggat	accgccttcc	tctttttctt	gcaagtttta	aatttccaac	1140
cttaagttaa	tttgtggacc	aaatttcaaa	ggaacttttt	gtgtagtcag	ttcttgcaca	1200
atgtgttttg	taaacaaact	caaaatggat	tcttaggagc	attttagtgt	ttattaaata	1260
actgaccatt	tgctgtagaa	agatgagaaa	acttaagctt	tgttttacta	caacttgtac	1320
aaagtgtgat	gacagggcat	attcttttgc	tccaagattt	gggttggggg	cactaggggt	1380
tcagagcctg	gcagaattgt	cagcttttagt	ctgacataat	ctaagggtat	ggggcaaggta	1440
tcacatctaa	tgcttgtgtt	ccttataact	tattatatag	tgttattcat	gattcagctg	1500
atcttaacaa	agtcgtagc	agtggaaact	tgaaatgcat	gtggctagat	ttatgctaaa	1560
atgattctca	gttagcattt	tagtaacact	tcaaagggtt	ttttttgttt	gttttctaga	1620
cttaataaaa	gcttaggatt	aattagaaga	agcaatctag	ttaaatttcc	catttgtatt	1680
ttatttttctt	gaatactttt	ttcatagtta	tttgttttaa	aagattttaa	aatcattgca	1740
ctttgggtcag	aaaaataata	aatatatctt	ataaatgttt	gattcccttc	cttgctattt	1800
ttattcagta	gattttttgt	tggcatcatg	ttgaagcacc	gaaagataaa	tgatttttaa	1860
aaggctatag	agtccaaagg	aatattcttt	tacaccaatt	cttcctttta	aaatctctga	1920
ggaattttgtt	ttcgctttac	ttttttttct	tctgtcacia	tgctaagtgg	tatccgaggt	1980
tcttaatatg	agattttaaa	tcttaaaatg	ttctttattt	tcagcactta	catcatttgg	2040
tacacaggggt	caaatagggc	aaataatttt	gtctttgtat	aatagatttg	atattttaaag	2100
tcactggaaa	taggacaagt	taatggatgt	ttttatatatt	taatagaatc	atttatttct	2160
atgtgttatg	aaattcactt	aatgataaat	ttttcaacat	acttgccatt	agaaaaacaaa	2220
gtattgctaa	gtactataac	atattggcca	ctaaaattca	tattgagatt	atcttgggtt	2280
cttggaagag	ataggaatga	gttcttatct	agtgtttgcag	gccagcaaat	acagaggtgg	2340
tttaatacaaa	cagctctagt	atgaagcaag	agtaaagact	aaggtttcca	gagcatttct	2400
actcacataa	gtgaagaaat	ctgtcagata	ggaactctaa	tattttatagt	gagatttgtga	2460
aagcaacctt	aaagttttga	agaagactga	tgagactagg	tgctttgctt	cctttcatca	2520
ggtatctttc	tgtggcattt	gagaacagaa	accaagaaac	atggtaatta	ctaaattatg	2580
aggctttgct	ttttgtttgc	ttttaagtag	aaaaacatgt	tggcaacatt	gagttttgga	2640
gttgattgag	ataatatgac	ttaactagtt	ttgtcattcc	atttggttaa	gatacagtoa	2700
ccaagaatgt	tttgagtttt	ttgaaagacc	ccaattttaag	cottgcttat	ttttaaatta	2760
tttccattca	gtgatgttgg	atgtatatca	attatttagt	aaataatctc	aataaaatttt	2820
gtgctgtggc	ctttgctaaa	aaaaaaaaaa	t			2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccga gggcaggggg 60
atccccgggc ggcgccaggg agggcgagga gcaggcgggt gaggcgaggc aggaagagga 120
gcaggacttg gatggtgaga aggggccatc atcggaaggg cctgaggagg ggggacggag 180
aaggcttctc cttcaaatac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
tgaccaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
gtcctcctaa aggcttttcc ttttggcctc ttaaaagctt gagagataaa acggaacccc 360
cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
tagacctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctgggaacac ctttggccct 480
gccctgtgta gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccaactcaaac ttgctatcca 600
cacacctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagagttcac tttcactcca 660
gtctccctc ttttggcctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
aatgaggta gagctcacct gtgctcacca gctccgtcag ggtggtcagc cgacctcttt 780
ccctgggaac cccacttctc tctgtggctg gcttggttgt cgggggtgag atgccatatt 840
gattacaggg cagcaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttatttttc 900
atctagagga atctcggtt cagccctttc attgctaaga cactttttca ctgaggttct 960
taccagctca gccaaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa 1020
gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagttagaa cttcagatca 1080
tcagatcagt ctcaaattgg tttcttggaa ttttatattt gacaatattt atactatacc 1140
aaactcattt gcagttctta ggtttgttgg ttaaaacatt tttttaaaag agtaagttaa 1200
tagaaaaatg tttcatttaa tgggaaggct gggaatgtcc agcatcaacc cctatggcat 1260
gcattccatg ttgccttctc atctgggctt ggaacctttg gttcagggct taggggagaa 1320
caggccacat ggcaacagcc acacagtcac tgccctcaac acagagccac gtgtcccaa 1380
acagcaatag tcatgcctt gtccaggctg ggatctaatt gatacaatag tctgttgact 1440
cctcctagt agagctatct aggtttgtct ggaaagtttc cgaccttggc ttataggcac 1500
cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtatct agcctttgtt cagtccaata 1560
aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gggagaaggg aagaaggaga 1620
gggcacaaag gcggaatggg ggtgagcttt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

cataatagtt	aactctactt	actgtttttaa	catacatttg	atttaacaaa	ttgttcagca	60
taacacttct	aattaagttt	atcaagttgt	actgtattag	ataatcagca	gtgtatctgg	120
agtatgttta	aagagaacag	ttcgcaatac	aaaaagttac	atggagcttt	acatcttaac	180
tttctttgtc	aattttaaag	caatgtataa	aaagtttatt	ttgctattgt	gaaaaactaa	240
atgtaaagga	aatcacctac	tttcatgcag	gtgtataatc	ttgaaaagga	aaaatgcttc	300
catgttgaag	ccagattttc	tgtagtaaaa	cttttaaaaa	ttatttttaa	agaaatatgt	360
atataaatat	ctctatattc	tttggaatga	tactaaaagtc	tctgggtctag	gaccatacct	420
tatataaagg	tataagagac	catgacaatg	tctgaaaatg	gaatagataa	tgatgccttt	480
tattttaaagt	ggccccacata	atatacattg	agtactccat	ctctccaaat	gtatttccat	540
aatgtgttga	aaacatgcta	acatttgtat	gattttttata	cttctgccga	atagacttag	600
aatcagatga	attgtctgtg	tgtcttgcaa	aagagtggg	gacaacttgg	gcaggcctat	660
gaagtgcata	gggagtgtat	gtcttttgaa	tggttttatt	gttcttgtaa	tctagcttaa	720
agaaatgtta	actgggaggg	tgtctgaggcc	actcactgca	ttaattttgt	gtgttttagag	780
ttctgttgtc	aaaagaaaac	taatgaataa	attagtttgt	cattctagaa	tttaaagttc	840
taagattagt	ataaagagta	tatagattgt	taatccccac	cagctagact	ttgaacttaa	900
gtcagactta	aagattttgag	aaattatttt	tgtcattttac	tagacgtgat	ttttagttct	960
gttttgattat	atttctacta	caaaacttct	atttaacagg	atagcctact	aaattaaatg	1020
tttcttattt	cactttaactc	atttgattaa	actgtattct	aaaacatttg	gggtttttcc	1080
ccctattcag	ttttaatctt	ggaatatgca	tttgtaaatt	gtgatgtcat	tgagacttaa	1140
tttatatttg	acttggaac	attaacatgt	cctaagactt	agtgcagaga	agcttgccag	1200
tacgttcttt	gacttaagga	tggcataaaa	taatcatttt	tgaacctgtg	taataaagct	1260
tgaaagcagg	gaaaagaatt	tccttttccc	ccttttttgt	gttgtctata	ggaattaact	1320
tgggattgtt	ttgtgggttt	ttgtttgttt	taaagttaaa	ttgagaatct	tttataagaa	1380
ataaaaagcat	tattgggtgc	ctttgtttgt	aaacccaaaa	gtaataaatg	aatccctata	1440
tttccattat	agtattttat	gtatttttat	gttctgaaaa	ttacctatgg	aacaatatgc	1500
ttaggattac	aggaagcagt	ccttactttac	acttctgttc	tgtttttaggt	gtacttgtaa	1560
attcttatgt	cctaatttta	tttaattctg	agttcctttac	acagcatttt	agggaaaagaa	1620
tacaggcagg	atgacacttt	gtgttaaatg	gttattttta	tgtattacct	ggaatgaggg	1680
agggtttttt	ctgttttcta	aaaagagtaa	ccaagatacc	tccaggggtg	cattgggttc	1740
cagctgctct	cctccacatt	gaatgatata	ttgttaattt	ataggcacat	ttgtggtaat	1800
ttatatgtct	atagagtaag	tataagagat	aattcattag	taataggaat	taactgaccc	1860
cttttggtat	ggggagagca	tcaggctggg	gtcaggtaag	tgtaaatggc	cttctgagca	1920
tgtctttcta	ggctgactcc	cagccctgac	ttgaaaccat	tagcgctaac	ttgctctgtt	1980
ttgagaaaaa	ctttccaaac	ttttgcatga	gaaactagaa	aaagggaatg	atgccacgtt	2040
actggattac	agaaatgagt	taattgtctc	tgtgataaaa	aaaaaaaaatg	aaatatattc	2100
ttattgaatt	aatatttttg	tcttgaagca	ttttctagt	atagaatgta	tttgtctttt	2160
ttcctgggtg	taccctctta	gcatatatct	ttgtatctct	taagatccta	aacaaatcat	2220
ctttgtcagt	taagtatagt	tgcgcaaaaa	ttgttaaatc	ctttgtcttt	attaaagaaa	2280
aatttgagta	acaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa			2313

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaagggc tggagatata ataacagagc tgggaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaactttat gggaaaaatct ggaatatattc ccaaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaa 1200
aagaaatata taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aatttttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
cagcatgggg aggcctcacac acagaagttg cactgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc attttttttac tttagttaaa aaagaggaca tttaatattc 1500
tacatgctgt aactatcagg acatgggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaaat 1560
taattctttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gatagtttac tgactagtgt gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgcccac 1680
caaaataatc tttatgttac caagtgattc ccatttgtct aaggatttga aggggggtcta 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaa 1800
ctaactccttc catatatgtg ccatacttat ttttttcttc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgtaa 1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaaataat 2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgcctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaaagc aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcctg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acatttttag ttttattggt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
cacattttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatatat acttgggtctt 2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
gaatggagggt gg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

tcacaggcca	cggcaacaac	aacgacaaca	acaaacattt	ggaatattat	tctcaactca	1380
cgttttaata	atacatctta	ttatttttct	agtagagaaa	ctacaaatca	gcctcttcaa	1440
catttatata	cagtttaata	agcctcttgc	aagttaacttg	ttctctcacc	tgaggatattt	1500
ttttcctccc	caccttgccc	ctgttctctc	cttctctctc	tccctttgca	agaggaaata	1560
tttaacatat	ttgggtccaa	cttcaataat	gtaataatta	atacattaaa	agcatttaac	1620
ttccttttcta	gaaaaatgca	caggctaagg	catagacaaa	acaaagagaa	atgctgagaa	1680
atttgccact	ggagacaagc	aatctgaata	aatatttgcc	aaaagtctct	tttatgtcat	1740
atagtgtcag	gatttgaagg	agctattttt	ttttaatggt	gcaactagca	actcatcttc	1800
ggaagacaca	gccaggagaa	tgaagtagaa	gtgaaagggt	tataaatcca	tttgtaagca	1860
tttatcccat	atatttttaa	ttcaagaaaa	atttgtgtta	tctttagaat	tttgatttca	1920
atactttatg	tactatgtga	ctcatgcttc	tggataaata	aagcaccaaa	tatgtatctg	1980
taaccacaat	cacacatatt	atattaaata	tatatctata	taacagccaa	aaaaaaaaaa	2040
agaagagaag	aaaaagaaag	gagagggggg	gggagagaag	gggggggagg	t	2091

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgtcccaa	accaggacac	cctctctaca	gtaaatacat	gcgtggggat	gtacttgtga	60
tgctgaagca	gacggaaaat	aattacttgg	agtgccaaaa	gggagaagac	actggcagag	120
ttcacctgtc	tcaaatgaag	attatcactc	cacttgatga	acatcttaga	agcagaccaa	180
acgatccaag	ccacgctcag	aagcctgttg	acagtgggtc	tcctcatgct	gtcgttcttc	240
atgattttccc	agcagagcaa	gttgatgatt	tgaacctcac	ttctggagaa	attggtttat	300
cttctggaga	agatagatac	agattgggtac	agagggaact	gtagaaacca	gattggcata	360
tttctgcca	actatgtcaa	agtgattatt	gatatcccag	aaggaggaaa	tgggaaaaga	420
gaatgtgttt	catctcattg	tgttaaaggc	tcaagatgtg	ttgctcgggt	tgaatatatt	480
ggagagcaga	aggatgagtt	gagtttctca	gaggagaaaa	ttattattct	taaagagtat	540
gtgaatgagg	aatgggcccag	aggagaagtt	cgaggcagaa	ctgggatttt	ccccctgaac	600
tttgtggagc	ctggtgagga	ttatcccacc	tctggtgcaa	atgttttaag	cacaaaggta	660
ccactgaaaa	ccaaaaaaga	agattctggc	tcaaactctc	aggttaacag	tcttccggca	720
gaatgggtgtg	aagctcttca	cagttttaca	gcagagacca	gtgatgactt	atcattcaag	780
aggggagacc	ggatccagat	tctggaacgt	ctggattctg	actggtgcag	gggcagactg	840
caggacaggg	aggggatctt	cccagcagtg	tttgtgaggc	cctgcccagc	tgaggcaaaa	900
agtatgttgg	ccatagtacc	gaaggggcag	gaaggccaaa	gccttatatg	atttccgagg	960

```

gttggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaacottact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaaccatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt totagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttattttata tacaaggaaa totattttat 780
gtcgtttgtt aagagaattg tgtgaaatca tgtagtgtga aataaaaaat agtttgagggc 840
atgaaaaaaaa 850

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaacto cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactcttc atcttccccg ccgctttttg 120
tttcttttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaate aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcgttg aaaaagctag ttatatttca gagaaatgat tttcattatt gaaactgttc 600
tccttagcag gccatttttc ctttttcttg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa agggaagaaa ggggagaagg gaagaggtta aaaagtaagt gctcagacct 720
atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
tttgctcatct tccatatttg caggaaggta ttttctgact tgcaatgcag ctagatgtaa 840
aatttttatt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggttt 900
cctgttcata ctgtgcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaaatg aatctccaac 960
atccaagcat cgaaaaccaa gggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaaacct ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctggtttgtg taaacacact tttcaccaaa taggtttctg ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320

```

agacttatttt	gcagtactgt	gttcttcagc	tagaggcagc	tttttaaata	atgcaagtgt	840
atattattagc	attaaaaatta	acatctcagt	aatcagcatt	agcattttctg	aggaccatta	900
ttaattctga	gaacagaaat	tggtgccttg	caagggaagt	tactagctct	atcaacaagc	960
attcaagggt	acatctgcta	gcagagtagt	gttaggaacc	tggccttact	ctcctctgac	1020
aatcgcaatt	ttttcttatt	ttttataaat	tcaagaagat	acacttggca	tcgtgtatcg	1080
aggctaagtt	tttcatgcat	ttcccagact	acttatggag	aattgcagtt	taagttgctg	1140
aaaagtatta	acatggtatt	aagcttaaat	aatacgtaat	gggactagat	ggccccactaa	1200
gccactgtta	ttttccttcc	tctctggcag	ggcacttgat	ccattccaaa	gtcaaaaact	1260
ggactgaagc	taaatttgta	cttttcataa	tatacattct	gcttctggct	tatcttcttg	1320
gtacatcaat	atattaattg	taaagtttat	tgtatagtat	ttaaccgctg	aagttcctat	1380
tttatgttgt	gcttatgtga	accccttggt	gaaggctcct	tttcttgga	tgtgtagtta	1440
tatgatcttt	ttaaattgtac	agatattttg	ctataaaaatc	ggtgcagttt	tttatggttt	1500
ttacacttct	ctttaattcc	cacctaaagcc	tctgggtaat	attgtaaata	ttgtttttaa	1560
atgcatcagc	ctatgctata	caatctgaat	gttattttta	cttatagttt	tttttaatat	1620
atataatttaa	ctataaggac	agtttaggga	acaagttacc	taccacattt	cacttttagtg	1680
tacctaattta	cagaaaagatt	aaactgccac	ctgcgggcac	attcccataa	atgtgtactt	1740
tactttaaaa	agaacatgcc	acgattttgt	ctttctgtgg	actcaacatt	cacttcgatt	1800
aaaaatagca	atgtgaccaa	gttggaacttc	cactacaaag	cagctgtttt	ccaaagttca	1860
atgctgacat	atatgtatat	taaaataatt	gcctatttat	taatctacaa	atagacaacg	1920
ttggcatgtt	cttttctgtt	tgtctattaa	tgggcctgct	tcttagcaat	attagaatgt	1980
tttataaaaag	caattcatgt	tacttttctg	gtcttttcat	ggcatatgag	caaataataa	2040
actattttaca	ctactagaaa	gaaaagagaa	gaa			2073

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

ctattacaca	tgagggttttt	aatgtatttta	gacctgacaa	taggggtgtc	acttagatgt	60
gatctcagtg	ttgtgggtaa	ctttgtgtgt	ctttaattcg	aaatctggaa	catagatgat	120
gattttttcc	tttgaattaa	cttaattgtgt	tctcttccct	acagatttca	gaacttatat	180
ttccacctct	tccaatgtgg	caccttttgc	ccagaaaaaa	gccaggaatg	tatcgaggga	240
atggccatca	gaatcactat	cctcctcctg	ttccatttgg	ttatccaaat	caggaagaa	300
aaaataaacc	atatcgccca	attccagtga	catgggtacc	tcctcctgga	atgcattgtg	360
accggaatca	ctggattaat	cctccacatgt	tagcacctca	ctaacttcgt	ttttgattgt	420

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgocagatt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgct gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt ttttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctctataaaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaattttcca aatgtttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaatttttaa aatgagctct cttttcaacc 300
cttggttaaca agtgccataa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatatt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg tttcctgatg 480
ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcccttctg gagatgtctt cgaaggaatt 540
ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggtcact caatcctttg tttccagttt cacattctac taactctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcatto actagtatga atgtggggat atagtgtata 780

```

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

ccacgtagcc	tctgtgcgct	gggtgcagct	tctgtctccc	tgttttttcta	atcaaggggt	60
taggactttg	ctatctctga	gatgtctgct	acttgctgca	aattctgcag	ctgtctgctg	120
ctctaaagag	tacagtgcac	tagaggggaag	tggtcccttt	aaaaataaga	acaactgtcc	180
tggctggaga	atctcacaag	cggaccagag	atcttttttaa	atccctgcta	ctgtcccttc	240
tcacaggcat	tcacagaacc	cttctgattc	gtaaggggta	cgaaactcat	gttctttctcc	300
agtccctgt	ggtttctggt	ggagcataag	gtttccagta	agcgggaggg	cagatccaac	360
tcagaaccat	gcagataagg	agcctctggc	aaatgggtgc	tcatcagaac	gcgtggattc	420
tctttcatgg	cagaatgctc	ttggactcgg	ttctccaggc	ctgattcccc	gactccatcc	480
tttttcaggg	gttattttaa	aatctgcctt	agattctata	gtgaagacaa	gcatttcaag	540
aaagagttac	ctggatcagc	catgctcagc	tgtgacgcct	gaataactgt	ctactttatc	600
ttcactgaac	cactcactct	gtgtaaaggc	caacagattt	ttaatgtggt	tttcatatca	660
aaagatcatg	ttgggattaa	cttgcccttt	cccccaaaaa	ataaaactctc	aggcaagcat	720
ttctttaaag	ctattaaggg	agtatatact	tgagtactta	ttgaaatgga	cagtaataag	780
caaatgttct	tataatgcta	cctgatttct	atgaaatgtg	tttgacaagc	caaaaattcta	840
ggatgttgaa	atctggaaa	ttcatttctc	gggattcact	tctccaggga	ttttttaaag	900
ttaatttggg	aaatttaacag	cagttcactt	tattgtgagt	ctttgccaca	tttgactgaa	960
ttgagctgtc	atttgtacat	ttaaagcagc	tgttttgggg	tctgtgagag	tacatgtatt	1020
atatacaagc	acaacagggc	ttgcactaaa	gaattgtcat	tgtaataaca	ctacttggtta	1080
gctaacttc	atataatgat	tcttaattgc	acaaaaagtc	aataatttgt	caccttgggg	1140
ttttgaaatgt	ttgctttaaag	tgttggctat	ttctatgttt	tataaaccaa	aacaaaattt	1200
ccaaaaacaa	tgaaggaaa	caaaaataaat	atttctgcac	ttcaaatgaa	aaaaaaaaaa	1260
aaaaa						1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

cggctcagtg gccctgagac catagctctg ctctcgggtcc gctcgtgtgc cgttagcccg 60
ctgcgatgtt gcgcgctgcc gcccgcttcg ggccccgcct ggcccgccgc ctcttgtag 120
ccgccgccac ccaggccgtg cctgccccca accagcagcc cgagggtcttc tgcaaccaga 180
ttttcataaa caatgaatgg cagcatgccg tcagcaggaa aacattcccc accgtcaatc 240
cgtccacttg agaggtcatc tgtcaggtag ctgaagggga caaggaagat gtggacaagg 300
cagtgaaggc cgcccgggcc gccctccagc tgggctcacc ttggcgccgc atggacgcac 360
cacacagggg ccggctgctg aaccgcctgg ccgatctgat cgagcgggac cggacctacc 420
tggcggcctt ggagaccctg gacaatggca agccctatgt catctcctac ctggtggatt 480
tggacatggt cctcaaatgt ctccggtatt atgcgggctg ggctgataag taccacggga 540
aaaccatccc cattgacgga gacttcttca gctacacacg ccataaacct gtgggggtgt 600
gcgggcagat cattccgtgg aatttccccc tcttgatgca agcatggaag ctggggcccag 660
ccttggaac tggaacgtg gttgtgatga aggtagctga gcagacaccc ctccaccgcc 720
tctatgtggc caacctgac aaggaggctg gctttccccc tgggtgtggc aacattgtgc 780
ctggatttgg cccacggct ggggcgccca ttgcctccca tgaggatgtg gacaaagtgg 840
cattcacagg ctccactgag attggccgag taatccaggt tgcgtgctgg agcagcaacc 900
tcaagagagt gaccttggag ctggggggga agagcccca catcatcatg tcagatgccg 960
atatggattg ggccgtggaa caggccact tcgcctgtt ctccaaccag ggccagtgtc 1020
gctgtgcccg ctcccggacc ttcgtgcagg aggacatcta tgatgagttt gtggagcggg 1080
gggttgcccc ggccaagtct cgggtggctg ggaacccctt tgatagcaag accgagcagg 1140
ggccgcaagt ggatgaaact cagtttaaga agatcctcgg ctacatcaac acggggaagg 1200
aagagggggc gaagtgcgtg gtggcgccga cattgtgctt gaccgtggtt acttcattca 1260
gcccactgtg tttggagatg tgcaggatgg catgaccatc gccaaaggag agatcttcgg 1320
gccagtgatg cagatcctga agttcaagac catagaggag gttgttggga gagccaacaa 1380
ttccacgtac gggctggccg cagctgtctt cacaaaggat ttggacaagg ccaattacct 1440
gtcccaggcc ctccaggcgg gcaactgtgt ggtcaactgc tatgatgtgt ttggagccca 1500
gtcacccttt ggtggctaca agatgtcggg gagtggccgg gagtggggcg agtacgggct 1560
gcaggcatac actgaagtga aaactgtcac agtcaaagtg cctcagaaga actcataaga 1620
atctgcaag ctctctccct cagccattga tggaaagttc agcaagatca gcaacaaaac 1680
caagaaaaat gatccttgcg tgcgtgaatat ctgaaaagag aaatttttcc tacaaaatct 1740
cttgggtcaa gaaagtctta gaatttgaat tgataaacat ggtgggttgg ctgagggtaa 1800
gagtatatga ggaacctttt aaacgacaac aatactgcta gctttcagga tgatttttaa 1860
aaaatagatt caaatgtgtt atcctctctc tgaaacgctt cctataactc gagtttatag 1920
gggaagaaaa agctattgtt tacaattata tcaccattaa ggcaactgct acaccctgct 1980
ttgtattctg ggctaagatt cattaataaac tagctgctct taaaaaaaaa aaagaa 2036

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

accagcaagc	aaccggccga	agtctggaag	ggcgccggag	ccccgcgaac	cgccccgaac	60
gagcgcagga	ggttccccgc	cgccgcgcgc	ttggccccga	gttcctgcag	ccgcagccgg	120
cacggagggg	gccagccccg	accttgcccc	gctgcggccc	gcggctcccc	gccaaacccc	180
cctcaggaaa	gagggtttta	aatcaaaagat	gggaaaatcg	gagaaaattg	cccttcccca	240
tggccagctt	gttcatggta	tacacttgta	tgagcaacca	aagataaaca	gacagaaaag	300
caaataatac	ttgccactaa	ccaagatcac	ctctgcaaaa	agaaatgaaa	acaacttttg	360
gcaggattct	gtttcatctg	acagaattca	gaagcaggaa	aaaaagcctt	ttaaaaatac	420
cgagaacatt	aaaaattcgc	atgtgaagaa	atcagcattt	ctaactgaag	tgagccaaaa	480
ggaaaattat	gctggggcaa	agtttagtga	tccaccttct	cctagtgttc	ttccaaagcc	540
tcctagtca	tggatgggaa	gcaactgtga	aaattccaac	caaaacaggg	agctgatggc	600
agtacactta	aaaacgctcc	tcaaagttca	aacttagatt	tcagatttca	gtatgtgtgt	660
aaaacataat	ttttcccata	tccctggact	cttgagaaaa	ttggtacaga	aatggaaatt	720
tgccctgttg	caacatacaa	ttgcaaaaga	tgagtttaaa	aaattacata	caaacagctt	780
gtattatatt	ttatatattg	taaatactgt	ataccatgta	ttatgtgtat	attgttcata	840
cttgagaggt	atattatagt	tttgttatga	aagtatgtat	tttgccctgc	ccacattgca	900
ggtgttttgt	atatatacaa	tggataaatt	ttaagtgtgt	gctaaggcac	atggaagacc	960
gattttattt	gcacaaggta	ctgagatttt	tttcaagaaa	cagctgtcaa	atctcaaggt	1020
gaagatctaa	atgtgaacag	tttactaatg	cactactgaa	gtttaaatct	gtggcacaat	1080
caatgtaagc	atggggtttg	tttctctaaa	ttgatttgta	atctgaaatt	actgaacaac	1140
tcctattccc	atttttgcta	aactcaattt	ctggtttttg	tatatatcca	ttccagctta	1200
atgcctctaa	ttttaatgcc	aacaaaattg	gttgtaatca	aattttaaaa	taataataat	1260
ttggcccccc	ctttttaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a		1301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

ctcgagccga	ttcggctcga	gctaattttt	aagtctcgat	tggaaatcag	tgagtaggtt	60
cataatgtgc	atgacagaaa	taagctttat	agtgggtttac	cttcatttag	ctttggaagt	120
tttctttgcc	ttagttttgg	aagtaaattc	tagttttag	ttctcatttg	taatgaacac	180
attaacgact	agattaaaat	attgccttca	agattgttct	tacttacaag	acttgctcct	240
acttctatgc	tgaaaattga	ccctggatag	aatactataa	ggttttgagt	tagctggaaa	300
agtgatcaga	ttaataaatg	tatattggta	gttgaattta	gcaaagaaat	agagataatc	360
atgattatac	ctttattttt	acaggaagag	atgatgtaac	tagagtatgt	gtctacagga	420
gtaataatgg	tttccaaaaga	gtatttttta	aaggaacaaa	acgagcatga	attaactctt	480
caatataagc	tatgaagtaa	tagttgggtg	tgaattaaag	tggcaccagc	tagcacctct	540
gtgttttaag	ggtcttttcaa	tgtttctaga	ataagccctt	attttcaagg	gttcataaca	600
ggcataaaaat	ctcttctcct	ggcaaaaagt	gctatgaaaa	gcctcagctt	gggaagatag	660
atttttttcc	ccccaattac	aaaatctaag	tattttggcc	cttcaatttg	gaggagggca	720
aaagttggaa	gtaagaagtt	ttatttttaag	tactttcagt	gctcaaaaaa	atgcaatcac	780
tgtgttgtat	ataatagttc	ataggttgat	cactcataat	aattgactct	aaggctttta	840
ttaagaaaac	agcagaaaaga	ttaaatcttg	aattaagtct	ggggggaaat	ggccactgca	900
gatggagtgt	tagagttaga	atgaaattct	acctagaatg	caaaaattggg	tatatgaatt	960
acatagcatg	ttgttgggat	tttttttaat	gtgcagaaga	tcaaagctac	ttggaaggag	1020
tgcctataat	ttgccagtag	ccacagatta	agattatata	ttatatatca	gcagatttag	1080
tttagcttag	ggggaggggtg	ggaaagtttg	gggggggggt	tgtgaagatt	tagggggacc	1140
ttgatagaga	actttataaa	cttctttctc	tttaataaag	acttgtctta	caccgtgctg	1200
ccattaaagg	cagctgttct	agagtttcag	tcacctaaat	acacccacaa	aacaatatga	1260
atatggagat	cttcttttac	ccctcaactt	taatttgccc	agttatacct	cagtgttgta	1320
gcagtactgt	gatacctggc	acagtgtttt	gatcttacga	tgcctcttgt	actgacctga	1380
aggagacctt	agagctcttt	ccctttttga	gtttgaaatc	tagccttgat	gtggctctct	1440
gttttatgtc	cttgttctta	atgtaaaagt	gcttaactgc	ttcttggttg	tattgggttag	1500
cattggggata	agatttttaac	tgggtattct	tgaattgctt	ttacaataaa	ccaattttat	1560
aatcttttaa	tttatcaact	ttttacattt	gtgttatttt	cagtcagggc	ttcttagatc	1620
tacttatggg	tgatggagca	cattgatttg	gagtttcaga	tcttccaaag	cactattttg	1680
tgtaataaact	tttctaaaatg	tagtgccctt	aaaggaaaaa	tgaacacagg	gaagtgactt	1740
tgctacaaaat	aatgttgctg	tgtaagtat	tcatattaaa	tacatgcctt	ctatatggaa	1800
catggcagaa	agactgaaaa	ataacagtaa	ttaatttgtt	aattcagaat	tcataccaat	1860
cagtgttgaa	actcaaacat	tgcaaaaagt	ggtggcaata	ttcagtgtct	aacacttttc	1920
tagcgttggg	acatctgaga	aatgagtgtt	caggtggatt	ttatcctcgc	aagcatgttg	1980
ttataagaat	tgtgggtgtg	cctatcataa	caattgtttt	ctgtatcttg	aaaaagtatt	2040
ctccacattt	taaatgtttt	atatttagaga	attctttaat	gcacacttgt	caaatatata	2100
tatatagtac	caatgttacc	tttttatttt	ttgttttaga	tgtaagagca	tgctcatatg	2160
ttaggtactt	acataaattg	ttacattatt	ttttcttatg	taataccttt	ttgtttgttt	2220
atgtgggtca	aatatattct	ttccttaaac	tcttaaaaaa	aa		2262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

caagtgtgag	ccaccacacc	tggcctggaa	ggaacctctt	aaaatcagtt	tacgtcttgt	60
atTTtGttct	gtgatggagg	acactggaga	gagttgctat	tccagtcaat	catgtogagt	120
cactggactc	tgaaaatcct	attggttcct	ttatTTtatt	tgagtttaga	gttcccttct	180
gggtttgtat	tatgtctggc	aaatgacctg	ggttatcact	tttccctccag	ggttagatca	240
tagatcttgg	aaactcctta	gagagcattt	tgctcctacc	aaggatcaga	tactggagcc	300
ccacataata	gatttcattt	cactctagcc	tacatagagc	tttctgttgc	tgtctcttgc	360
catgcacttg	tgcggtgatt	acacacttga	cagtaccagg	agacaaatga	cttacagatc	420
ccccgacatg	cctcttcccc	ttggcaagct	cagttgccct	gatagtagca	tgtttctggt	480
tctgatgtac	cttttttctc	ttcttctttg	catcagccaa	ttcccagaat	ttccccaggc	540
aatttgtaga	ggaccttttt	ggggtcctat	atgagccatg	tcctcaaagc	ttttaaacct	600
ccttgctctc	ctacaatat	cagtacatga	ccactgtcat	cctagaaggc	ttctgaaaag	660
aggggcaaga	gccactctgc	gccacaaagg	ttgggtccat	cttctctccg	aggttgtgaa	720
agttttcaaa	ttgtactaat	aggctggggc	cctgacttgg	ctgtgggctt	tgaggagggt	780
aagctgcttt	ctagatctct	cccagtgagg	catggagggtg	tttctgaatt	ttgtctacct	840
cacagggatg	ttgtgaggct	tgaaaaggtc	aaaaaatgat	ggccccttga	gctcttttga	900
agaaaggtag	atgaaatata	ggatgtaatc	tgaaaaaaag	ataaaatgtg	acttccccctg	960
ctctgtgcag	cagtcgggct	ggatgctctg	tggcctttct	tggttcctca	tgccacccca	1020
cagctccagg	aaccttgaag	ccaatctggg	ggactttcag	atgtttgaca	aagaggtagc	1080
aggcaaaact	cctgctacac	atgccttgaa	tgaattgcta	aatttcaaag	gaaatggacc	1140
ctgcttttaa	ggatgtacaa	aagtatgtct	gcctcgatgt	ctgtactgta	aatttctaat	1200
ttatcactgt	acaaagaaaa	ccccttgcta	tttaattttg	tattaaagga	aaataaagtt	1260
ttgtttgtta	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgc ggaacatttc acaaattctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtccc catcaaattg catcaacttc 300
tcccaagcag agaaaccoga accaccaaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccttc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaaact ctgcttacc cttcatagga cctttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gtttaaccaag cttttgggtgc atagcagcct ggttgggaagc 600
attctgactg ctctgtctgc cctgggtggg ttcattatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaatcctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcaactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tgggaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcgggt gaaacaggct tactctgact tccctggggg gagtgtgctg 900
gccggcttca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcac 1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct gggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtta agggcattta cacacgtaac 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgccctgg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaggg agtgagaggt 1440
gggggtgggg gggggaggag ggggggcctg ttaggggggg ccgggttt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

```

cttttatact tgaaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttggtg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaaat ataagcatca ccttcccatt 2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcggacatt 2460
tggtatgtctt ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaatg gaatcttatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgcctttggg gatttatgag 2700
gatttttttt ggtgggggga gggggctcca attcatatct ctgaaacctc tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgccctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
at ttgtctac acaaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttgggtt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at 2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggg gtgactcacc atgccagacc acttagtttt ttcttattcc cacttttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttccct gaaccatatt gatgagataa atagggttgg 180
gggctgggccc ccgctgggtca ctcaacagag tatttccctt ggccgagatg gaagtgttgt 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttgtgtc 300
ctggagacgg tggtagcctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtcc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattggg ggtggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagtccat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccattggaata aatgttggaa agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaaa 615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgcggtatgc	cgggcgggcag	cagcatcatg	gtcaccgggc	ccggcgcgct	gatgctcaag	60
tgcgtggtgg	tggcgacgg	ggcggtgggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgccttcc	cgaggagta	cgtgcccacc	gtcttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agcagtaacct	cctaggacct	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgagge	ctttatctta	cccaatgacc	gatgtcttcc	ttatatgctt	ctcggtggta	300
aatccagcct	catttcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaacttaa	ggaatacgca	360
ccaaatgtac	cctttttatt	aataggaact	cagattgac	tccgagatga	ccccaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaa	cctatatgtg	tggaacaagg	acagaaaacta	480
gcaaaagaga	taggagcatg	ctgctatgtg	gaatgttcag	ctttaaccca	gaagggattg	540
aagactgttt	ttgatgagge	tatcatagcc	attttaactc	caaagaaaac	cactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaatgaaa	tgctacagct	ataccagac	720
cttttatagg	taatgaagca	gttcaaaaact	tgaagaaaaa	caaaacctgt	cctcagaatt	780
ctataaagtg	tattaagaat	gttcctttaa	ggtttaagaa	gcagtaagca	gcattctgaag	840
ccacaatcta	ttataaatat	tttatttcaa	ctagaaggta	caatctctca	gggggttcat	900
agtttaaaaa	gtcataatca	catcatgttg	taactacgta	aaaaacagag	ctgtaaatgg	960
aactgcttgg	ctttgaccat	acacatttct	gcccagccct	tacagaatct	gcacaaagaa	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattgttct	tgtatgtaag	ttgctttcta	ttccagtata	1080
tccagagtgg	tgaataaaca	aggccagcca	cgtagccaaa	ggtcgctcca	agcgtacagg	1140
agatgggcca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gttttattat	1200
tacttgagca	caagtgtaac	ctaaatattt	ctatatataa	gcttaatgtg	ctttctttaa	1260
gaatgcaaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gcatttatca	tgaacactaa	aaatgtacac	1320
attttagtta	atgtgcatta	aactgtataa	aggcttctgg	caattgtaga	tttagtttga	1380
cgtcccccaa	agtgcattag	acacatgcta	aaattacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgccataat	gatagactca	atttagctct	ctgaactagt	tggttaatttt	ttttttttaa	1500
ttcccacttt	ggctgtgtac	atcaaatgaa	atgagaagtg	tgtatgctga	ccaaaccaca	1560
agaaaacttt	tttaagttgt	gttaaagagg	aaagacctag	aatccaagcg	tgttacatga	1620
aaattgtaac	agagcagctg	cttccacctt	tcagatatag	atgttggaac	cacagcagaa	1680
gttatagagc	gacaaacttat	atacacacct	agaattgaag	ttaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	ttcttccag	ccatattaca	tcaggctaga	agtaattaat	gttgctttat	1800
ttcatctaca	agcagttggg	ccctaagtga	aaggctctgc	ttgaaaaaaa	aaagaaaaaa	1860
aagttggagg	aaaattttca	tgtctctctg	tgaagcttat	ttggtacact	ggagccattt	1920
ctaactcttc	tctgggggga	acaggccaca	gaactgtgtt	agaggtgaac	catcttaatt	1980
actagttcta	ttacctaat	cagcttccct	gtttgggtctg	ctgtggatct	gccttatttg	2040
atatgccatg	catcagataa	tggatgcata	agataatggt	gttagacaaa	gcttcattgt	2100
gaacaacctc	atgcatttta	gagaaacaat	ctcaccacat	ttttcttagc	ctttcctaca	2160
tttaaacctg	ctgttgccca	aattataatt	ttttaaatgt	ctttgggtggg	ctctctgtta	2220
ttcacatgac	ttgagcttat	agctatgtct	actgcacaga	ttgggttaatg	gaacactaaa	2280

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctgcg	cccacaccct	ctcctgtcca	gccctcgccc	gcctgggcag	ggcccgggcg	60
cgtcctgtgga	tgagccacag	aacctcttcc	accttcagag	cggagagaag	tttccattcc	120
tcttctctct	cctcctccgc	tgccacctcc	tcttcggcct	cccgtgctct	cccgcccag	180
gacccgcccc	tggagaaggc	cctgagcatg	ttttccgatg	actttggcag	cttcatgcgg	240
ccccactcgg	agccctggc	cttcccagcc	cgccccgggtg	gggcaggcaa	catcaagacc	300
ctaggagacg	cctatgagtt	tgcggtggac	gtgagagact	tctcacctga	agacatcatt	360
gtcaccacct	ccaacaacca	catcgagggtg	cgggctgaga	agctggcggc	tgacggcacc	420
gtcatgaaca	ccttcgctca	caagtgccag	ctgcgggagg	acgtggaccc	gacgtcgggtg	480
acctcggctc	tgcgggagga	cggcagcctc	actatccggg	cacggcgctca	cccgcataca	540
gaacacgtcc	agcagacctt	ccggacggag	atcaaaatct	gagtgcctct	cccttcctct	600
tccctgtgcc	ccccgcccc	cgcttgcag	caaagcctcg	ctaaccctat	tacaacagct	660
ccaggacatc	tcagcccagg	ttctagcccc	caogcacc	agaccccagg	tggaacctcc	720
tcccaaaacta	gggcccctcca	ctctatccag	ggcaggccag	ggactccctg	gcctgacaca	780
tgatgcccag	atttcagatt	tggcctccgt	cacttaatcc	agagtacagg	ggctgggggtc	840
agggaaaggaa	gatctaaaga	acccactgtg	ggtcagggga	atgggaccag	caggacatat	900
gggcaagctc	tgccaggacag	acaggcagac	aaacctctctg	atctatgaag	tctctgcagg	960
gcaaggggac	cagggacctg	gaacctctt	ggccaagggg	agtgggagag	acagaggggaa	1020
ggtcacaggc	aagggtgcct	atctaagtgg	aactaattgc	ccgagggtc	agcaaggcca	1080
agaggagaca	gcctgtacgg	ttaaacttccc	ctctaccagc	ctccaagccc	cacgccagcg	1140
agcaggctgc	ctgcccaccc	cgtgccccca	gccagctggc	tgtgccaggg	cagagccatg	1200
ccacatctgt	atatagatgg	ggtttttcca	atacagctgg	ttcgtgataa	actgcatgaa	1260
actcctgccc	tcttgcgct	gctggggcct	ccaggcaagg	ccacgtgggg	ttgggggtgg	1320
ggctggtcct	tctccctccc	acaggcctgt	gttcttgggg	ctgctcccat	gcagacagga	1380
tcacctaaaca	gagatggaag	ccaggggcatg	gatggggcct	tgggtcctcg	aggttggacc	1440
ccagcttctt	gccaccttcc	cctccgggca	gtcagctctc	catccatccc	cctctttaat	1500
ctatgaatct	ataggtctgg	tgtgtgtaac	acacacaccc	ctatcgttgt	ccttcaaata	1560
ctcagcatta	ccattgggttg	aggccaaatt	cagagctttc	tcaaatacaga	tttacaatct	1620
ccattttcat	taacggggaa	acatccccga	gccactgagt	gctgtgcttt	gtcactgaag	1680
gttagatctg	aaccaggggt	gtcaacagct	gctctcaact	ccccacctct	gggcactgag	1740
gagtatttcc	cctcattteta	cctctctaa	gctatgcacc	cctccccacg	tcttccagct	1800
gggggatggg	gggagtcata	ggaaaagccc	ccatctccca	tctgggatag	ggaccttcca	1860
tcagccttaa	ccctgggaaa	tgctgtctgc	ccccagtgac	tcttgggttc	gtctcccaca	1920
tacagaagca	gggtggaggg	gaagggtggg	tctcagttag	caggggtccc	cagggcaagt	1980
cagcctctc	cctccatgcc	tctctggtca	gtgtgcctta	gggtggcctc	tactcccac	2040
cactctgggc	cccttggggg	aggactgggg	agggggcctg	gggagagccc	tgacgttga	2100
acctgtatac	acaataaagg	acagtctcac	agacaaaaag	aggccgctg	ccggagtct	2160
caaacttagg	gcagggcctt	acttgagaga	aa			2192

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

```

ataaccatct ggagtgtgtc cagtttgttc ttcataaggac caatttttat ttgcagcttg 1380
agtttttata tgaagttgca ttattgtgga cttggctgtc ttgtgatgaa tttttttcat 1440
atgtattctg tgcatacta ttgttaaaat gaactgttgc tattgtgaga tggattttaa 1500
ctgacctatt aagggtttct ttogaatggc actactttag ggacattcta gtatttgctt 1560
ctattgtttg ggccctgttg ataatgtaca gatttaaaaa caaatcttgt tgctgatttg 1620
tccatttctt tccctgcact ttgttacatc tgggatacag tctaactcat ctgatttaat 1680
atgcatttaa aaaaatgcca taactattaa acacctgtt tacagacaga tgaaataaat 1740
ttattccaac caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagag 1776

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaagga aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt toagaaagga gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga ggggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
attttgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: 2192 Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

```

cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggcctttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agagggtccaa cgcagtcacag ctgacaagga tgggaatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtgt cagtgcgtac ctctgtggtg 240
accagcagc tgctgtcgga gccagcccc aaggccccca gggcccgggc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggctt acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggg gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtag ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggtcctcc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gtctagggcg gccgcgctg cgcctgetgc tctcgcctg ccgcgctgca gtgcgaaggg 60
ctcgaagatg gccggttggc agagctacgt ggataacctg atgtgcgatg gctgctgcc 120
ggaggccgcc attgtcggct actgcgacgc caaatacgtc tgggcagcca cggccggggg 180
cgtctttcag agcattacgc caatagaaat agatatgatt gtaggaaaag accgggaagg 240
tttctttacc aacggtttga ctottggcgc gaagaaatgc tcagtgatca gagatagtct 300
atacgtcgat ggtgactgca caatggacat cgggacaaag agtcaagggt gggagccaac 360
atacaatgtg gctgtcggca gagctggtag agcattgggt atagtcattg gaaaggaagg 420
tgtccacgga ggcacactta acaagaaaag atatgaactc gctttatacc tgaggaggtc 480
tgatgtgtaa gcagcctctc cccatctacc tagcaactgt cttcatcaac aaccctaatt 540
atggtcacia tgctaccaa ctgtagatgg tagctaattt ttctttacct attttctaatt 600
gtcatgatcc ctgtttgccc aatggatcat ttgtatgtta accactgtat gtaaccaacc 660
cttatctggc aacataattg cagcacaata atgatttgca tgataccttg aaattggggg 720
gagggggcat gccaaagtgg gcatcacttt gtcttagcaa ttaatgggat attgattact 780
aaaataagtt aatattaagc aaggtgcggg ttgtacaatc tctgatcagt gtcttttcag 840
cactttcgga atttacttgg ctcatcttag ctctcttttg tagcgcatgg ttgggaggaa 900
aaagtgcatt catcattctt tcactcttct ctttttcccg cccccccctc ccttcgcaca 960
taggcatttg gtttgcttcc atcttttttt atgcagtgcg tgtttttttt taaccaatta 1020
aaatcccttt tgttgatgag ctattgagag ctgcagtagt ttgcttttag tattgttgtt 1080
gcacttgagc agagacaaac cttttatcat agtgtctaca ggacatatga agagtgcaat 1140
ggcaaaaaca gagcaaaaag cacttctctc catgacctta cagtaaccat actgattgaa 1200
tccccaggga cattccatca ttgcaatagc tcagattttt cttccttttt ctttgcacac 1260
cagctctact ctttagtaaa attgtaaaa gctgccaata tggacattag gtatcccaac 1320

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

cttagatgtg gctcttttggg gagataatct tgtccagaga cctttctaac gtattcatgc 60
cttgattttg tacagcatta atctggtaat tgattatttt aatgtaacct tgctaaagga 120
gtgattttct tttcctttct taaagaggag gaacaagaag atgaggaaga aatogatgtt 180
gtttctgttg aaaagaggca ggctcctggc aaaaggctag agtctggatc acctctgtct 240
ggaggccaca gcaaacctcc tcacagccca ctggctctca agagggtgcc cgtctccaca 300
catcagcaca actacgcagc gctccctccc actcggaagg actatcctgc tgccaagagg 360
gtcaagtgtg acagtgtcag agtcctgaga cagatcagca acaaccgaaa atgcaccagc 420
cccaggctct cggacaccga ggagaatgtc aagaggcgaa cacacaacgt cttggagcgc 480
cagaggagga acgagctaaa acggagcttt tttgccctgc gtgaccagat cccggagtgt 540
gaaaacaatg aaaaggcccc caaggtagtt atccttaaaa aagccacagc atacatcctg 600
tccgtccaag cagaggagca aaagctcatt tctgaagagg acttggtgct gaaacgacga 660
gaacagttga aacacaaact tgaacagcta cggaactctt gtgcgtaagg aaaagtaagg 720
aaaacgattc cttctaacag aaatgtcctg agcaatcacc tatgaacttg tttcaaatgc 780
atgatcaaat gcaacctcac aaccttggct gagtcttgag actgaaagat ttagccataa 840
tgtaaaactgc ctcaaatttg actttgggca taaaagaact tttttatgct taccatcttt 900
tttttttctt taacagattt gtatttaaga attgttttta aaaaatttta agatttacac 960
aatgtttctc tgtaaatatt gccattaaat gtaaataact ttaataaaac gtttatagca 1020
gttacacaga atttcaatcc tagtatatag tactagtag tataggtact ataaacccta 1080
atttttttta tttaagtaca ttttgctttt taaagttgat ttttttctat tgtttttaga 1140
aaaaataaaa taactggcaa atatatcatt gagccaaaaa gaaaaaaaaa gaaaaaaaaa 1200
gaagaaaagg gagggggggg
1219

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 538 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggagggt gtgaggggga gaatgtttct ttggccactg tgaagcctca ggaagggggt 60

```

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctttaaccag	ttattttacag	tgtgctcatt	cgttcagaaa	ttagatacaa	aatctcaaga	60
cctgttacta	ctgattttat	taaatcagag	tctttaattc	ttgcatgttt	gtatctaatt	120
tctgaacgaa	tgagcacact	ttaaccagtt	atttacagtt	acotttttcc	tttaaccgga	180
ttgtgaaagc	ttcatgtatt	ttaatttaga	ttctgtgttt	ttaagggttc	tgagcatgaa	240
gctggcagat	agtcggcagg	actcattttt	tcacatggc	tggctgattt	ctccatagat	300
tgataacagt	attttgttat	cttgcttctc	tgtagttttg	catcagctgt	ttaactttga	360
gctgagttag	gggagagggg	taaagagaaa	gaaacttaag	ttttctttca	cagaactcca	420
ccattgtggg	ctttgagaga	gccctaaagc	attgtaccta	gtggtagcta	gtgacttcca	480
accaaagcct	ttgagtatgc	actaaatagg	tgagaagaaa	ggagagaagg	tttttaggtt	540
agaaaccttt	aaccgataga	aggatatggg	atgttgtaaa	gctggaacca	agtttgcat	600
tttgagggtc	tgagatgaag	ggaagactct	taccagatag	taagacagct	gagttttcct	660
cagttttctc	gtcttaacac	tagtggacaa	ttctagcatt	ttggttgagg	gatttcagag	720
ttaacctcat	ggaattcagg	attttttagc	aagtttgctt	ttggttttat	cttggctttt	780
agtaatcatg	ttggctggtc	tggtcacagg	tgactgtgaa	acagatgcc	tggtcttgct	840
ttcatcactc	taggatcatg	aagtgcctatg	ctatttcctg	gttatgaata	ttaagggttg	900
aattacattt	ttattgattg	tttggatcag	agctcagttc	ctgtagaaaa	cgaactgtaa	960
aagaccatgc	aagaggcaaa	ataaaacttg	aagtgaatgc	taaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1020
aaaaa						1025

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1219 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

tcacagaatt	cacatgccgt	tctttgttct	gtagattcgc	ccagtttcag	cctgacttct	1980
tattcagaga	cttgtcatgg	catttcacaa	ataccgcagg	tgcctttcct	ttctgcaa	2040
gagacacttt	ctccctagaa	cagaagatca	cctttttctg	agtctctcct	gcttttactc	2100
tgatcttctg	aatggcgaag	ccgggactgc	tccaccagtc	tgaccagcta	aagtatgaat	2160
cactcttcca	tttgagcttc	aacatgagta	gttctccaat	atctacctct	gtgtaaatta	2220
ggaaggagta	ggtcttattt	gtggaaactt	caggcagagt	gaatgggatg	ttctcactct	2280
cggccacggt	gccatacaga	gaaatctcaa	aggcctgatt	ggtatgggtt	tcactctcag	2340
tcccagaaaa	atgaatcttt	acttggtaat	ggaagacttt	gtagggcatc	tgagaacgag	2400
tcttcaggta	cattttgctg	cttcttttgg	ctctgaactt	attgatctca	tagcccagat	2460
tggtgcagcg	gttcttttcta	caactcaagc	agagcccttt	ctcaaaggct	tccttggaac	2520
tgcacctgta	ggccttactt	ggattttctt	cattcaacag	agagtcgatg	aagagatgaa	2580
tggagcgctc	gtgggagcac	ttcactagct	ggtccacatc	tccaagtcct	ctctctgcaa	2640
tcacgcggat	agcttctcca	atgttacatc	ctggtgaaa	agtacctcca	ttcgggtaaa	2700
tgtcaacatg	cccaactggt	ttctggatct	caatgcttcg	accaggggac	cctctggtga	2760
atgtgtgtaa	gacgtctaca	aaatctgcat	catcaggaga	aagacgactc	ggggcttctg	2820
catactcaaa	gttaggtcca	gctggatcga	ggccagtaat	tctggtgaac	tttcttattg	2880
gtcagacttc	ctgcaatgcc	agcagcatgg	gctccaaggc	tgtatcccaa	gagatggac	2939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1292 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcacgcgcat	gacgcgcgcc	aatgccaccg	aagcctccaa	gccccaaaggc	acaacgggtgt	60
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180
tccccaagaa	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcca	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttctt	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgctgacg	gccatccaca	360
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgagt	420
gccccacctt	tcagtcctgt	tttaagtgat	tctcccgggg	gcagggtggg	gagggagcct	480
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaacc	cgggtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagttagtga	cattgtaatc	cagtgcgctt	gttcttgacg	cattcccgtt	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccatttagat	taggaaggtt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccatttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggattgg	780

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tttttttttt	ttttttttgt	ggtaataaaa	tgttggtcaat	tttattaaaa	gctgattcca	60
ttttttcaca	cagtttaagta	cgtttctttc	ttgtttttgtt	aaagcccatt	tcataagagt	120
gagtttggtc	tgtgagacca	tcactgataa	agacacatac	agtttagcacc	acacattttat	180
aaatgcagat	agccacaatg	acctttccaa	tatgtacaag	ctccattttac	acatccacac	240
atgtattttac	agctaataaa	taaaatgtaa	agccagaaca	tccttgatat	atataacaaa	300
gttttttcgga	gccagagttc	ccagtgcctat	gtgctgcttt	agtgaatctt	ttaagttaat	360
gcaccctggg	tcacaaccca	aatccagaaa	tttaatgaat	taataaaggg	gatgcccaaca	420
acaaatcata	catcatttta	tttttagaga	gaattcattc	caagcctgat	gatgttaatc	480
acaacattgg	tctactattt	tataggcacg	atcatctctc	tcagagaaa	ggtcgaagtt	540
ctggcacatc	aggaacaatt	tctactccga	catgttccaa	tacatccctt	gatcgactgt	600
tttcccttcc	gaattatgct	gaaggacaac	acacatgcag	agctttctag	tatgtgttca	660
gatatcacat	actttccacg	tcgggttccc	agctatagcc	tctgagatat	ttgacatctt	720
tatcattttca	tattttatag	tagaagagca	ttctgaaaaa	taggagatct	agttttataaa	780
tagttgttca	ctcactcttg	attagttggt	aaaaacaaca	aatagcaacc	ctcatggtac	840
tccatctggc	tcattgcacg	cgatggttta	caagcactgc	ttaggaatcc	accccaggaa	900
cctctccacc	cttttactta	gtaaaaacgg	tccttgctca	aaatctgtag	aagctcacac	960
aatgcaaaat	ttgaactcaa	acctatcttt	tcatgtcaaa	gccaggaaca	aaagagacgc	1020
actggaagta	caactgaagc	atgaccaagg	taagcctaaa	actgaagagt	aactgtcaga	1080
tattgaatga	ttttaaattg	atgaaaatca	tttgagaaat	ctaataataa	aattacgggt	1140
tctttttttt	tttctgcacc	attcaaatta	tgtgtcagct	gaggattaca	ggctcatttt	1200
caacacctac	ccagagaaca	ttattataat	ataatcttga	gacaaaaaag	aagggggaga	1260
gagggattaa	gcaataaacg	ataaagccta	ttaagaatta	attgatctag	attttatctc	1320
tccttgaatt	tgttaacttg	tcatgatgca	ggccaatggt	agggactggt	taaaacctct	1380
tggtttatca	gaccttttct	tcgtccctct	ccaagttaca	tgttctgtgt	tgactgtctg	1440
accacattcc	aatagcaaga	gggaatcatt	ctaaaacatc	attcatactg	ctgtgtagat	1500
gagtctgatt	cgtgcgcggg	aaaagcattt	tctgtattct	tggagactta	gagtaaagt	1560
tgagaaggcc	tcagtcgcga	agatccagaa	ttccaattaa	aataggaggt	tctaaccaat	1620
tataggctat	ggcccaatac	gccacatgaa	ggagccttat	tttactctgc	gctcaaacaa	1680
ttattttctt	ctcaaaaggac	aaaacagcac	ttttcatgat	ccactgtctt	ttaacgttgg	1740
aggatgtgct	atttggccac	tatacccatc	aaattgaatt	agccactttt	tagtgcttga	1800
gactgtctcc	taaaataaact	aacaagggtg	gggctgggat	taatatccag	gaaaatccac	1860
ttttgaaaca	ccccaaacac	tgggtatggt	tgttaaaagt	tacttccctc	acttcattct	1920

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

acccacggggg	ctgccctccc	ctgcgcactc	ccctcgtctgc	ccgggcccgg	agcgcagtg	60
ggccgcacag	attcacaatg	ttgaaagccc	ttttcctaac	tatgctgact	ctggcgctgg	120
tcaagtcaca	ggacaccgaa	gaaaccatca	cgtacacgca	atgcactgac	ggatatgagt	180
gggatccctgt	gagacagcaa	tgcaaagata	ttgatgaatg	tgacattgtc	ccagacgctt	240
gtaaagggtgg	aatgaagtgt	gtcaaccact	atggaggata	cctctgcctt	ccgaaaacag	300
cccagattat	tgtcaataat	gaacagcctc	agcaggaaac	acaaccagca	gaaggaacct	360
cagggggcaac	caccgggggtt	gtagctgcca	gcagcatggc	aaccagtggg	gtgttgcccg	420
gggggtggttt	tgtggccagt	gctgctgcag	tgcaggccc	tgaaatgcag	actggccgaa	480
ataactttgt	catccggcgg	aaccagctg	acccctcagc	cattccctcc	aacccttccc	540
accgtatcca	gtgtgcagca	ggctacgagc	aaagtgaaca	caacgtgtgc	caagacatag	600
acgagtgcac	tgcagggacg	cacaactgta	gagcagacca	agtgtgcac	aatttacggg	660
gatacctttgc	atgtcagtgc	cctcctggat	atcagaagcg	aggggagcag	tgcgtagaca	720
tagatgaatg	taccatccct	ccatattgcc	accaaagatg	cgtgaataca	ccaggctcat	780
tttattgcca	gtgcagtcct	gggtttcaat	tggcagcaaa	caactatacc	tgcgtagata	840
taaatgaatg	tgatgccagc	aatcaatgtg	ctcagcagtg	ctacaacatt	cttggttcat	900
tcattctgtca	gtgcaatcaa	ggatatgagc	taagcagtga	caggctcaac	tgtgaagaca	960
ttgatgaatg	cagaacctca	agctacctgt	gtcaatatca	atgtgtcaat	gaacctggga	1020
aattctcatg	tatgtgcccc	cagggatacc	aagtgggtgag	aagtagaaca	tgtcaagata	1080
taaatgagtg	tgagaccaca	aatgaatgcc	gggaggatga	aatgtgttgg	aattatcatg	1140
gcggcttccg	ttgttatcca	cgaaatccct	gtcaagatcc	ctacattcta	acaccagaga	1200
accgatgtgt	ttgcccagtc	tcaaagtcca	tgtgccgaga	actgccccag	tcaatagtct	1260
acaaatacat	gagcatccga	tctgataggt	ctgtgccatc	agacatcttc	cagatacagg	1320
ccacaactat	ttatgccaac	accatcaata	cttttctggat	taaatctgga	aatgaaaaatg	1380
gagagttcta	cctacgacaa	acaagtccctg	taagtgcatt	gcttgtgtct	gtgaagtcat	1440
tatcaggacc	aagagaacat	atcgtggacc	tggagatgct	gacagtcagc	agtataggga	1500
ccttcgcgac	aaagctctgtg	ttaagattga	caataatagt	ggggccattt	tcatttttagt	1560
cttttctaag	agtcaaccac	aggcatttaa	gtcagccaaa	gaatattggt	accttaaagc	1620
actattttat	ttatagatat	atctagtgc	tctacatctc	tatactgtac	actcaccat	1680
aattcaaaca	attacaccat	ggtataaagt	gggcatttaa	tatgtaaaaga	ttcaaagttt	1740
gtctttatta	ctatatgtaa	attagacatt	aatccactaa	actggtcttc	ttcaagagag	1800
ctaagtatac	actatctggg	gaaacttgga	ttctttccta	taaaagtggg	accaagcaat	1860
gatgatcttc	tgtgggtgctt	aaggaaaactt	actagagctc	cactaacagt	ctcataagga	1920
ggcagccatc	ataaccattg	aatagcatgc	aagggttaaga	atgagttttt	aactgctttg	1980
taagaaaaatg	gaaaagggtca	ataaagatat	atttctttag	aaaatgggga	tctgccatat	2040
ttgtgttggg	ttttattttt	atatccagcc	taaagggtgg	tgttttattat	atagtaataa	2100
atcattgctg	tacaatatgc	tggtttctgt	agggtatttt	taattttgtc	agaaatttta	2160
gattgtgaat	attttgtaaa	aaacagtaag	caaaattttc	cagaattccc	aaaatgaacc	2220
agatatcccc	tagaaaatta	tactattgag	aaatctatgg	ggaggatatg	agaaaaataa	2280
ttccttctaa	accacattgg	aactgacctg	aagaagcaaa	ctcggaataa	ataataacat	2340
ccctgaattc	aggacttcca	caagatgcag	aacaaaaatg	ataaaaaggta	tttcaactgga	2400
gaagttttta	ttcttaagta	aaattttaat	cctaacactt	cactaattta	taactaaaat	2460
ttctcatctt	cgtacttgat	gtcacagag	gaagaaaaatg	atgatgggtt	ttattcctgg	2520
catccagagt	gacagtgaac	ttaagcaaat	tacctctcta	cccaattcta	tggaaatattt	2580
tatacgtctc	cttggtttaaa	atgtcactgc	tttactttga	tgtatcatat	ttttaaataa	2640
aaataaataat	tccttttaga					2659

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

gcccggccggcc	ctttttaacc	cccttccctt	cccttttttc	tgttgctgaa	tgatatttta	60
ttagcttgat	aatttgggcc	tgcccttagc	attaataagc	ttcagcacta	gtcacaagac	120
tttcattcac	tgggtggggaa	actttcttgt	tttaaaaaat	gcaattcaag	aaagggcacc	180
tattttcttg	gggctgcggg	gacagcaggc	ttctcttcac	gggtgatggg	aatggtgogc	240
tcagggccag	agacctgttt	cccttggtcca	ttcacagtga	ggaccccatc	agatgacagg	300
gatgaagtaa	tgggtgagagg	gtctacatca	gctgggatcc	ggatatttcc	gtggaaactcc	360
ctggagatga	aaccatgttc	atcctggcgc	tcttcatgtt	ttccatgcac	ctcaatcaca	420
tctcccaaca	ccttaacttt	gagttcctct	ggggagaagt	gcttcacatc	caggttgaca	480
gagaacctgt	ccttctccag	gcgcattctt	gagagtccag	tgtcaaacca	gctgggtgcc	540
cgcaggaagg	aggggtggccg	aaggtagaag	ggactcaggg	aagtagacgt	cgggaaaaga	600
tcagactcca	acaggtgttc	tcgaagaac	tgggtcaaaga	ggcggctggg	ggagtggaaa	660
ggaaagaagg	ggcggcggtg	ccaggggtgg	tggatggcga	tgtccatggg	ggctaggtga	720
gtgtgagggg	tcagctggcc	tggtcagctc	cttcagctgc	agctacagcc	agcccccttat	780
atatgcagtc	ttgtgaagct	tctggaatgg	tgatgtcagg	ggttttatta	tcttagctca	840
ccagcagttc	atggagactt	gtgatccggg	atttggcaat	gtgacacata	cccagtaactc	900
actgagctaa	gaaaagagag	acacaaacac	gtctgagccg	gccagtgaat	tgctcatggtc	960
ttgtttcact	agctttctgt	ccacacccaa	tggcaccacc	ccccaccctt	gttctctgaa	1020
gctggtagac	agtcag					1036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

agaaaatagt	ttcaagcaga	ccatagccaa	gatcaacttc	aaagttttag	attcagaaat	60
ggtggctggt	gtgacggaca	aatgggtcccc	gtggacctgg	gccagctctg	tgagggtctt	120
acctttccac	cogaaggaca	tcattggggc	attcagccac	tcagaaatgc	agatgattaa	180
ccaatactgc	aaagacactc	ggcagcaaca	tcagcaggga	gatgaatcac	agaaaatgag	240
aggggactat	ggcaagttaa	aggccctcat	caatagtcgg	aaaagtagaa	acaggaggaa	300
tcagttgcc	gagtcataat	atcttcttat	gtgggtctta	tgcttccatt	aacaaatgct	360
ctgtcttcaa	tgatcaaaat	ttgagcaaaag	aaacttgtgc	tttaccgaag	ggaattactg	420
aaaaaggtga	ttactcctga	agtgaagttt	acacgaactg	aaatgagcat	gcattttctt	480
gtatgatagt	gactagcact	agacatgtca	tggtcctcat	ggtgcataata	aataatattta	540
acttaaccca	gaattttatt	atatctttat	tcaccttttc	ttcaaaatcg	atatggtggc	600
tgcaaaacta	gaatttgtgc	atccctcaat	tgaatgaggg	ccatatccct	gtggtattcc	660
tttctctgct	tggggcttta	gaattctaat	tgctcagtga	tttgtatatg	aaaacaagtt	720
ccaaatccac	agctttttacg	tagtaaaagt	cataaatgca	tatgacagaa	tggtctatcaa	780
aagaaataga	aaaggaagac	ggcattttaaa	gttgtataaa	aacacgagtt	attcataaag	840
agaaaatgat	gagttttttat	ggttccaatg	aaatatgttg	gggttttttt	aagattgtaa	900
aaataatcag	ttactgggtat	ctgtcactga	cctttgtttc	cttattcagg	aagataaaaa	960
tcagtaacct	accccatgaa	gatatttggt	gggagtata	tcagtgaagc	agtttggttt	1020
atattcttat	gttatcacct	tccaaacaaa	agcacttact	ttttttggaa	gttatttaaat	1080
ttattttaga	gtcaaaagaat	ataatcttgc	actactcagt	tattactggt	tggtctctta	1140
ttccctagtc	tgtgtggcaa	attaaacaat	ataagaagga	aaaatttgaa	gtattagact	1200
tctaaataag	gggtgaaatc	atcagaaaga	aaaatcaaaag	tagaaactac	taattttttta	1260
agaggaattt	ataacaaata	tggttagttt	tcaacttcag	tactcaaat	caatgattct	1320
tcctttttatt	aaaaccagtc	tcagatatca	tactgatttt	taagtcaaca	ctatatattt	1380
tatgatcttt	tcagtgtgat	ggcaagggtgc	ttgttatgtc	tagaaagtaa	gaaaaacaata	1440
tgaggagaca	ttctgtcttt	caaaaggtaa	tggtacatac	gttccactgg	ctctaaggtg	1500
aaaagtagta	aattttgtga	tgaataaaat	aattatctcc	taattgtatg	ttagaataat	1560
tttattagaa	taatttcata	ctgaaattat	tttctccaaa	taaaaattag	atggaaaaat	1620
gtgaaaaaaa	ttattcatgc	tctcatatat	attttaaaaa	cactactttt	gcttttttat	1680
ttacctttta	agacattttc	atgcttccag	gtaaaaacag	atattgtacc	atgtacctaa	1740
tccaaatata	atataaacat	tttattttata	gttaataatc	tatgatgaag	gtaattaaag	1800
tagattatgg	ccttttttaag	tattgcagtc	taaaacttca	aaaactaaaa	tcattgtcaa	1860
aatttaatatg	attattaatc	agaatatcag	aatatgattc	actattttaa	ctatgataaa	1920
ttatgataat	atatgaggag	gcctcgctat	agcaaaaaata	gttaaaatgc	tgacataaca	1980
ccaaacttca	tttttttaaaa	aatctgttgt	tccaaatgtg	tataatttta	aagtaatttc	2040
taaagcagtt	tattataatg	gtttgcctgc	ttaaaaggta	taattaaact	tcttttctct	2100
tctacattga	cacacagaaa	tgtgtcaatg	taaagccaaa	accatcttct	gtgtttatgg	2160
ccaatctatt	ctcaaagtta	aaagtaaaat	tgtttcagag	tcacagttcc	ctttatttca	2220
cataagccca	aactgataga	cagtaacggg	gttttagttt	atactatatt	tgtgctattt	2280
aattctttct	attttcacaa	ttatttaaatt	gtgtacactt	tcattacttt	taaaaatgta	2340
gaaattcttc	atgaacataa	ctctgctgaa	tgtaaaagag	aatttttttt	caaaaatgct	2400
gttaatgtat	actactggg	gttgattggg	tttattttat	gtagcttgac	aattcagtga	2460
cttaatatct	attccatttg	tattgtacat	aaaattttct	agaaatacac	ttttttccaa	2520
agtgtaaagt	tgtgaataga	ttttagcatg	atgaaactgt	cataatgggtg	aatgttcaat	2580
ctgtgtgaaga	aaacaaacta	aatgtagttg	tcacactaaa	atttaattgg	atattgatga	2640
aatcattggc	ctggcaaaat	aaaacatggt	gaattcccca	aaaaaagaaa	gggaggacgg	2700
gaggggagaa	ggaagggaagg					2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

tgctggaggg	cctacagcac	aatccccccg	tcagctggct	ggtagggccc	ttcgccctgc	960
ccgctggcgg	gcagtagctg	taggagcctg	caggcccgcc	gcggggctgc	cctgctctgt	1020
ccagggagga	gctgcctcag	aactttctcc	ccgcccccaa	acctggatcg	gttccctaaa	1080
gcccagacc	tttggggctg	cagctggctg	agcgccgagg	ggctggggag	gcagtgacct	1140
tcttaactga	gccacccccac	gcccctgctcc	gggcctgcct	gcctctccca	cctcctcccc	1200
agcgctgcct	gcccctctcg	gagcctgggg	tcactcagac	caccagccaa	gagccttccc	1260
ttgaagtccc	caagcaagca	ctgcaattag	gaaagagaaa	aagcagcgtg	cccagcctgg	1320
aagggcatct	gtttgccccg	ctagcaaccc	ttttatatct	agcagggctc	ttccagtcct	1380
gcagcacggg	ccccagcta	tcagcgggtg	aggcagtgct	gtggcatccc	aggctccggg	1440
cagctccgtt	ctcatgctga	aagtgggtct	ccggccttag	cacacacacc	ttgaggggtct	1500
taagaaccac	attccctcat	agtagaaaagt	actagaaaaa	gcgacactgc	catcatcctc	1560
ccaaggcagg	ctgctactgc	ctttgtgtac	ccccgggggtg	gcctcaagggt	ggggacaaaag	1620
ctgccaggag	ccacagcagc	cacagctggg	gctttgcacc	agcctggcct	gagactgagc	1680
agtttgacag	gggtgggggg	tgcaaaaaaac	aagcaaacag	gctgctgctg	cctccagctg	1740
cccaccacag	gcctgccccca	ggcacctggg	gctctgaggc	ccctggggag	gctgggcccc	1800
gcagctgccc	ctggagaaca	cagacaaaagg	acttccccgc	agggaaactgt	gccctatgga	1860
gggatcagac	agggtctggga	acagccacag	aggctgcgtg	cctatggcac	agcccttccc	1920
ccgcgcgaca	ctccccctgg	gtcctcaggc	ccacccaagc	gcggggctgc	agaggaagcg	1980
gggctgggga	ggctgcaggc	atcagagaca	ctgggtgggtg	cggacccggc	cgccgggccc	2040
cgtgctctca	ggctagcccc	ggctcgtggag	gctggcaggc	tcaggtcggg	tgtgagacgt	2100
gccgtggctg	cgctcagctc	agcggggagg	agcggcttcag	cccgccctcc	ccaggaagcc	2160
atatccccac	tcacccggta	agagaacctt	gtcgtccccc	ttccatgctc	tcctaggaca	2220
cgagcccagg	aaccccagac	ccagggggag	gaagggtgga	ggggccccag	gggtcaccat	2280
gtgcaccagg	ggcgtgagg	ggccggggca	ttcagctcag	ctctgaaccg	gggaagctgg	2340
cacggcaagg	actgcctcag	gtgacggggc	gtgagagggg	acgggtcagg	agccttcccc	2400
agccttctcc	tcagcccgac	aacctatggc	atcggaggct	aggatgccag	acacagccat	2460
ttgcagaaat	caggcacagt	gaactgcagct	cacgtccagc	caaccaagca	tggggccgca	2520
gctcaggaag	tcccttcccc	ccacaccaca	gcctaattct	tactgggacg	gaggcaactc	2580
ggctacgctg	ggcaggacga	caaacacgag	acgccactgt	ggaatgagca	acttcggagc	2640
acgggggtgac	ttgcttgggg	ccgtgccccac	gtgacagccc	cttatgcaga	ggaggaaaaga	2700
gaagccccga	gtgggagggg	aacctgtcca	aagtcacacg	gtgtgtgggt	gacacagctg	2760
gggtgagtcg	aggctggccc	ctgaggccca	tgtccctga	acgtggaga	ccactgtcgg	2820
ctagcagcgg	ctctcaggga	aggcctgggtc	tcacccctcc	cagcctagcc	tcgcggaccc	2880
tcgtccctcc	cacatcggac	ctgctcacct	gcctggaccc	tgggctgcca	gatgcaggaa	2940
gcctcaaac	ccccagcctc	gtgggtgcgg	ggcagggcgc	aggcagcaca	gcttagatgc	3000
cctggtttgt	ccctcttgtc	tcttggaag	agcttgctcc	cgcccagctc	tcctgccact	3060
ggcctttcag	ggttgggctg	ggcccagagt	gccttttagt	cgtctctcac	ggtggcctga	3120
tggtcaacc	cagtcacaaa	cgggcccagt	gacactgccg	actgcacccc	agctcaggcc	3180
cccactgcac	cagcaatgct	agaaaaccaa	gccaataaaa	gtgatttctt	ttttcattaa	3240
aaaaaagaaa	aaaagagaca	gaggaagtag	atgctggccg	ggc		3293

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

atgcttttca	gacctctctt	cgcctggcag	ctctgccctg	gctggcctgt	cctggcacag	480
ctggctgtgg	gcagtgccct	cttcagcatt	gtggtgcccg	tcttgcccc	agggctaggt	540
agcactcgca	gctctgccct	gtgtagcctg	ggctactgtg	tctggatatg	ctcagccttt	600
gcccaggctt	tgctgctagg	gtgccatgcc	tccttgggcc	acagactggg	tgcaggccag	660
gtcccaggcc	tcaccttggg	gtcactgtg	ggaatttggg	gagtggctgc	cctactgaca	720
ctgectgtca	ccctggccag	tgggtgcttc	gggtggaact	gcacctgat	atacagcacg	780
gagctgaagg	ctttgcaggc	cacacacact	gtagecctgt	ttgccatctt	tgtcttgttg	840
ccattgggtt	tgtttggagc	caaggggctg	aagaaggcat	tgggtatggg	gccaggcccc	900
tggatgaata	tcctgtgggc	ctggtttatt	ttctgggtgg	ctcatggggg	ggttctagga	960
ctggatttcc	tgggtgaggt	caagctgttg	ctgtttgtcaa	catgtctggc	ccagcaggct	1020
ctggacctgc	tgctgaacct	ggcagaagcc	ctggcaattt	tgcactgtgt	ggctacgccc	1080
ctgctcctcg	ccctattctg	ccaccaggcc	acccgcaccc	tcttgccctc	tctgcccctc	1140
cctgaaggat	ggtcttctca	tctggacacc	cttgggaagca	aatcctagtt	ctcttcccac	1200
ctgtcaacct	gaattaaagt	ctacactgcc	tttgtgaaaa	aaaaaaaaaa	a	1251

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag	caccttccag	aactggttac	ctagtacccc	cgccacctcc	tgggggtggac	60
tcaccagttc	caggaccaca	gacaatgggt	gggagcagac	tgccttgagc	ccccaaagagg	120
ccccgttctc	tggcatctcc	acgcccccg	atgtgctcag	tgtaggcccc	gagcctgcct	180
gggaagccgc	agccactacc	aagggccttg	cgactgacgt	ggcgacgttc	acccaagggg	240
ccgccccagg	cagggaggac	acggggcttt	tgaccaccac	acacggcccc	gaagaagccc	300
cacgcttggc	aatgctgcag	aatgagttgg	aggggctggg	ggacatcttc	caccccatga	360
atgcggagga	gcaagctcag	ctggctgcct	cccagccccg	gcccagggtg	ctgtcggcgg	420
aacaggggag	ctacttcgtt	cgttttaggt	acctgggtcc	cagcttcocg	cagcgggcat	480
ttgaacacgc	ggtgagccac	ctgcagcaag	gcccagttcc	agccagggac	actctggccc	540
agctccagga	ctgcttcagg	ctgattgaaa	aggcccagca	ggctccagaa	gggcagccac	600
gtctggacca	gggctcaggt	gccagtgcgg	aggacgctgc	tgtccaggag	gagcgggatg	660
ccggggttct	gtccagggtc	tgcggccttc	tcgggcagct	gcacacggcc	tacagtggcc	720
tggctctccag	cctccagggc	ctgcccgcgg	agctccagca	gccagtgggg	cgggcgcggc	780
acagcctctg	tgaagctctat	ggcatcgttg	cctcagctgg	ctctgtagag	gagctgcccg	840
cagagcggct	ggtgcagagc	cgcgaggggt	tgcaccagga	ttggcagggg	ttagagcagc	900

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagctttcta 60
ttatagccac atcccttttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacagggt gccaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgataccag 180
agcattacgt gagccaggta atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaaagt tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaatacaggc tgagggtgct taagcctttt gctcacaaaa cctggcacaa tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagtgt ggccgggtgc ggtggctcac gcctgtaate ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1251 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgag gcagtggggc tggggtaagg ctctcctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggc ctcatagtc cttggctctt atcttgggaag 120
cacaggcgct gacagcctc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgccacagg cggagtctcc cctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaatg ttctatggg gtgaatgatt ccttcccaga tgggactat 300
gatgccaaac tgggaagcgc tgcctcctgc caactcgtga acctgctgga tgactctgca 360
ctgccctctc tcactcctac cagtgtcctg ggtatcctag ctacgagcac tgcctctctc 420

```

## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

gtggggccacc	cctaatact	attgcttcct	aaaggatattt	tcaccctctt	cgccctggtac	60
agccctcaca	gctcttcaga	gcaagcactg	gactacaagg	gcatggctca	caaaaggtta	120
atggatgggg	gttacctagc	cctggctaata	tcccttcca	ttcccaactc	tctctctctt	180
tttgaagaaa	aatgctaagg	gcagccctgc	ctgcccctcc	catccccgc	tgtaaataata	240
cactatTTTT	gatagcacac	atggggcccc	catatctctt	ggccttggtt	ttgatgttga	300
aatcctggcc	ttgggagaga	tgccctccag	gcagacacag	ctgtctggtt	caggccaagc	360
ccctttgcaa	tgcaagccct	ttctggtggt	atgaagctcc	tctatgtcgt	cgttttcacc	420
agcaactggt	gaactgtccct	tcgacacgga	cctgctttga	gatttctga	cagggaaaag	480
atttctgtcc	atttttttcc	tgtgcctaac	agcataattg	ccttttctta	tgtaaataatt	540
atgatggtgg	atcaagacat	aagttaaata	gcctttctgc	ctcacatcag	ccctgtgtat	600
aaagccatta	ttctctgatg	cactgtttgc	cccagtaact	cactttaaaa	cctctcttct	660
cagtgttccc	tctctccctc	cagggccact	gcttgaagaa	gaatatgtat	gtttctatct	720
tgtatgtctg	tgtgcccctc	ctgccccgaa	agtgtgact	atggggaaat	cttttagctg	780
ctgttttttag	actccaagga	gtggaaaatta	tgtggaagaa	gcaaacctga	tacaatttgc	840
ccaaggtaaa	cagtttgaaa	agacaaaatg	gcctgccaaa	ctgtacagtt	tcttccccaa	900
gagctgttag	gtatcaaaaat	gttgtccttt	ccccctccg	tgttttctg	gttgagatca	960
tgctattgat	gaactgccaa	agtcagggga	ggagggcaga	gactttgtgt	ttacatctgc	1020
atttctacat	gttttagaca	gagacaattt	aaggcctgca	ctcttatttc	actaaagaaa	1080
aactaatgtc	agcacatggt	gctaatagaca	gtggattttt	ttttaataaa	aaaagtttac	1140
agatcaaagt	tgaaataaat	atgaatggag	tggtcctctt	gtctgttato	cgagttttca	1200
aaagctttaa	gactctggga	acatctgatt	ttatgg			1236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

gaagaagaga	aaaaagaggt	gatgcttcag	aatggagaga	ccccaagga	cctgaatgat	60
gagaaacaga	agaaaaatat	taaacaacgt	ttcatgttta	acattgcaga	tggtggtttt	120
actgagttgc	actccctttg	gcagaatgaa	gagcgggcag	ccacagttac	caagaagact	180
tatgagatct	ggcatcgacg	gcatactac	tggtgctag	ccggcattat	aaaccatggc	240
tatgccccgt	ggcaagacat	ccagaatgac	ccacgctatg	ccatcctcaa	tgagcctttc	300
aagggtgaaa	tgaaccgtgg	caattttctta	gagatcaaga	ataaattttct	agctcgaagg	360
tttaagctct	tagaacaagc	tctggtgatt	gaggaacagc	tgcgcggggc	tgcttacttg	420
aacatgtcag	aagacccttc	tcacccttcc	atggccctca	acaccgcctt	tgctgaggtg	480
gagtgtttgg	cggaaagaca	tcagcacctg	tccaaggagt	caatggcagg	aaacaagcca	540
gccaatgcag	tctgtcacaa	agttctgaaa	cagctggaag	aactgctgag	tgacatgaaa	600
gctgatgtga	ctcgactccc	agctaccatt	gcccgaattc	ccccagttgc	tgtgaggtta	660
cagatgtcag	agcgtaacat	tctcagccgc	ctggcaaaac	gggcacccga	acctacccca	720
cagcaggtag	cccagcagca	gtgaagatgc	agactgatac	cacctccacc	gctgagcagt	780
gaccttcctc	actttctctt	gtcccagctt	ctcccttggt	ggcctgagag	acctcacct	840
tccttctgcc	catcttccat	gttgtaaagg	aacagcccca	gtgcactggg	ggaggggagg	900
gagtgcagggg	cagtgggtgc	cttcctgcag	aagagacatg	cagcagtagc	gctggcgcca	960
tctgaggagg	ctggcgggct	ggccttctgg	accctggctt	ctccccactg	taacgcctgt	1020
tacacacaaa	ctgttggtgg	ttcctgcccag	gcttgaagaa	aatgatctga	attttttcct	1080
ccctttgggt	ttattttggt	ggtttatatt	gtgttttctt	ttctcctttt	tggtgggtat	1140
tcagagttgg	ctgggcccct	gggcgagaca	cagctacctc	tggtggcctc	tttttaatac	1200
caggaaccca	gcggctctag	ccactgagcg	gctaaatgaa	ataaagtgga	aaaaaaaaaa	1260
aaggaaaaaa	ccaaaagcat	aaaaaaccac	agcaaatctc	ttgatgaaaa	ttgaaaaata	1320
aagtttcctt	gtatttttaa	aagggaaaaa	gaaggaaaaa	aaggagaggg	aaaaaggagg	1380
gggggagagg	agt					1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

acagagctgg	caaaggacga	tgcggcgcca	gcacccccag	tgcagacgc	caaagcccag	240
gatagaggtg	tgcagggaga	actgggcaat	gaggagagct	tggatagaaa	tgaggagggc	300
ttggatagaa	atgaggaggg	cttggataga	aatgaggaga	gcttggatag	aaatgaggag	360
ggcttgata	gaaatgagga	gattaagcgg	gctgccttcc	agataatctc	ccaagtgate	420
tcagaagcaa	ccgaacaggt	gctggccacc	acggttggca	aggttgcagg	tcgtgtgtgt	480
caggccagtc	agctccaagg	gcagaaggaa	gagagctgtg	tcccagttca	ccagaaaaact	540
gtcttggggc	cagacactgc	ggacctgcca	cagcagaggc	agctgttgcc	ccgccggatg	600
ctggcctccc	cttgccaggc	ctaccagcag	agggtccacc	accaccaaaag	acctacgtga	660
gctgcctgaa	gagccttctg	tccagcccca	ccaaggacag	taagccaaat	atctctgcac	720
accacatctc	cctggcctcc	tgcttggcac	tgaccacccc	cagtgaagag	ttgccggacc	780
gggcaggcat	cctggtggaa	gatgccacct	gtgtcacctg	catgtcagac	agcagccaaa	840
gtgtcccttt	ggtggcttct	ccaggacact	gctcagattc	tttcagcact	tcagggcttg	900
aagactcttg	cacagagacc	agctcgagcc	ccagggacaa	ggccatcacc	ccgccactgc	960
cagaaagtao	tgtgcccttc	agcaatgggg	tgctgaaggg	ggagttgtca	gacttggggg	1020
ctgaggatgg	atggaccatg	gatgcggaag	cagatcattc	aggaggttct	gacaggaaca	1080
aggcaggctc	caaccctaag	aaggctcgacc	tcaagaagac	tgagagcttc	caaaatgccc	1140
acttagtcgg	tcggctaatt	ggcaagcagg	tcacatctctg	ggagatcgag	gtgccaaagc	1200
ctggtgcca	gatctacatt	tcaaccctgc	ggcgctatgt	gagttttctg	aagcaaacat	1260
tagaaggctc	tcaacatcat	gtagacaaaag	cttacaccca	gagcgtccag	atctgccaca	1320
agctgaacct	caccaatata	tacgtctccc	cgctgaactt	gattgggaag	aagttcaaac	1380
cgatgacata	ctggctcatg	ctgcctgatg	cattgccttc	actggcactg	ccttctctgc	1440
agggtcaatgc	cgggcacctg	ttcgtgcagc	gcacaccgt	ggaggctcatt	gtgggtcaacc	1500
gcagcctcga	ccagcagatg	tacctctgtt	agcacacaca	ccctaccttc	cacgcgtgc	1560
ccccagtgg	aataacggtc	atctgtgccc	actctcagcc	tggaatcccc	accttgccca	1620
cccaagtgg	tgccctctac	gaggagacca	cccctgggtg	ggacgggggc	tggtggcgag	1680
gcggatataa	gagggtgaaa	gtagacgtgc	acgaagtgg	gattcgatac	gtggactacg	1740
tgccgtttca	gggagcagaa	gtccttcttg	tccggcaaat	caggtctgac	tttgtcacc	1800
agttttcacc	ggaagcagat	gcccctatga	acagtgatg	gcccctgtca	gacgatgacc	1860
ctcagggtgac	aagttacagt	ccaactggtc	gcgagatgac	ggggaatata	gcactgcttg	1920
gagatgaag	ggtgttgata	aaocggtc	ttcctctgat	tcagctgtgg	agtgtgcttg	1980
acagctacta	cacaagcctt	tgacccccat	tggtggagcg	aggccttgcc	cagtggttag	2040
ttgaaattgg	gcttggcact	caagtcaaac	gctgcttctt	gagagtcttt	ttttgcaactg	2100
tccagaaagt	cctttctttc	tccatactgt	atgaacatcg	gaataacaaa	cattgtctctc	2160
gaaaaaagga	tggaactatg	ggttctcttc	agtcctattg	agaagacatt	tcgtctctga	2220
agctggctta	tcctggttct	cagctgtttc	gcaaagccaa	aggatagtgt	ttaacaagcc	2280
tccctctctc	ttccttctat	ctccttcccc	aaccagattg	tcctattccc	cctgttccat	2340
cagggatgta	tggttcttgc	ttccttcccc	ggcaaaaacc	aaacaaaactg	gcagacaggg	2400
gcaagacatg	aactgactaa	ttgagaggg	ttcttttact	tcaaaaatctt	tcttcaggga	2460
tgatatttaa	ccagttttta	taaacttcat	ctacttgtac	agcttacata	aatgagttga	2520
gcaactgtaa	atatgaaatg	gtcatcacat	ttaggtctct	aaacacagac	tttttaaatt	2580
tatcctgcca	agcctggttg	taatttgtaa	ctgaccttgg	tcagtgggga	ggggaactgg	2640
atgtgtttaa	acaaatgtaa	tattttgtac	ccattttctc	tttgtgcaaa	ctctgtaaat	2700
gattcttcca	gccacatgtc	acctgtaggt	aagatacact	ggagaacaaa	gggaactcaa	2760
cttggccccc	ctggccaggg	ccctgtggc	agaagtaaac	tctgcagtgc	agcttctgct	2820
tagagactgt	gatctgggaa	ctttttgctg	ttcctgcaca	ctggacaggt	gactgtatgg	2880
atatttaacc	agttttttata	aacttcat	tacaatatctg	tttaaaaaaa	agagttgatg	2940
caactgtaaa	tatgaaatgg	tcacacatc	aggtctctaa	acacagactt	tttaaaattg	3000
atcctgcca	gcctggttgt	aatttgtaac	tgaccttgg	cagtggggag	gggaactgg	3060
tgtgttttaa	caaatgtaat	attttgtaac	cattttctat	ttgtgcaaac	tctgtaaata	3120
attcttccag	ccacatgtca	cctgtaggt	agatacactg	gagaacaaaag	ggaaactcaag	3180
ttggccccc	tgccagggc	ccctgtggc	gaagtaaaact	ctgcagtga	gcttctgctc	3240
agagactgtg	atctgggaac	tttttgctgt	tctgtcacac	tggaacaggtg	actgtatggt	3300
gtggtgtgtt	tgattctttt	ttagactggc	acaaaaagta	actcattgaa	ttaacttgca	3360
			ttcagcattg	tgagtttaa	a	3411

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

```

aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag cttcctcaaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggctga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggagggagaa 1380
gtggtcaaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatggt agtggttagcg 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatccagca tgaaatgtaa 1560
tttacttggg agtaactttg gaaaagaatt ccttcttaaa atcaaaaaaca aaacaaaaaa 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
ccagattctc actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctatttttgg attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaaccat 1860
acgactgaat gcacttttag ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
ttaatttttt agtatattacc tgttaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tcttgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcgggtg ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgtatct 2160
gccagtgaat ttaactgtact ccaaagtatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atatttttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt 2280
ccgtgttaga gcaaagtga gagtttaaa gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc cttatgatg tcccctttt gagacactaa 2400
tttttaataa cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctgaggtga 2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac 2520
attataaact tgagtacatt tgttgtacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag 2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggtttttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta 2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt 2700
tattcaataa agattttaat taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg 2760
aaaaaaaaa gggcgccgc cgc 2783

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg ccccagcctg 60
gootctttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtgggggca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaahta ggttcacoga gtgcgctcac 180

```

gctgttttga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgacccacc	480
agcctaattct	ggcccaaac	catgtttctgt	tccgtccatg	ttctatttaa	aagcatcttg	540
aattggttgc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catggtccag	ccacacaggg	600
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gtccagccc	agcaggggt	gtcccgggtcc	660
ctgccacccc	cacttccctgt	gcctcagatc	tggccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720
acaggtccct	ctgagcctaa	acccacctaa	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagott	780
acaaagctct	ttcacatata	totatctctt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840
ttggtttcta	ccatcaggcc	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900
ccaagaagtg	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gacttttaaaa	aaattttttac	agttatttttt	atthttgtaga	atgagctgaa	agccagtgggt	60
ggcgaaaatca	aaatttcataa	aatggagcaa	aaggagaatg	tgccccccagg	tcctgaggtc	120
tgcattcacc	atcaggaagg	ggaaaagatt	tctgcaaattg	agaatagcct	ggcagtcctg	180
tccacccctg	ccgaagatga	ctcccgtgac	tcccagggtta	agagtgaagg	tcaacagcct	240
gtccatccca	agccactaag	tccagattcc	agagcctcca	gtctttctga	aagttctcct	300
cccaaagcaa	tgaagaagtt	tcaggcacct	gcaagagaga	cctgcgtgga	atgtcagaag	360
acagtctatc	caatggagcg	tctcttgccc	aaccagcagg	tgtttcacat	cagctgcttc	420
cgttgtctct	attgcaacaa	caaactcagt	ctaggaacat	atgcatcttt	acatggaaga	480
atctatttga	agcctcactt	caatcaactc	tttaaatcta	agggcaacta	tgatgaaggc	540
tttgggcaca	gaccacacaa	ggatctatgg	gcaagcaaaa	atgaaaacga	agagattttg	600
gagagaccag	cccagcttgc	aaatgcaagg	gagacccctc	acagcccagg	ggtagaagat	660
gcccctattg	ctaagggggg	tgtcctgggt	gcaagtattg	aagccaaggc	ctcctctcag	720
caggagaagg	aagacaagcc	agctgaaaac	aagaagctga	ggatcgccctg	gccacccccc	780
actgaacttg	gaagtccagg	aagtgccttg	gaggaaggga	tcaaaatgtc	aaagcccaaa	840
tggcctcctg	aagacgaaat	cagcaagccc	gaagtccctg	aggatgtcga	tctagatctg	900
aagaagctaa	gacgatcttc	ttcactgaag	gaaagaagcc	gcccattcac	tgtagcagct	960
tcatttcaaa	gcacctctgt	caagagccca	aaaactgtgt	ccccacctat	caggaaaggc	1020
tggagcatgt	cagagcagag	tgaagagctc	gtgggtggaa	gagttgcaga	aaggaaacaa	1080
gtggaaaatg	ccaaggcttc	taagaagaat	gggaatgtgg	gaaaaacaac	ctggcaaaaac	1140
aaagaatcta	aaggagagac	aggggaagaga	agtaagggaag	gtcatagtct	ggagatggag	1200

tggcaaaaag	aaatgaactc	ctttccttca	cctcctgccc	ttctcttacc	ttttcagtga	2160
aattccagca	tgcaagctca	gaaccaacac	attactctct	gtgcctaagt	ttcctcaatg	2220
tggttgattt	tttttttttt	ttaattttata	gagcattttcg	gggggggtgg	gggaaacaca	2280
cctaaacact	ctatctccaa	gttacaaaaag	tttgaggtgc	agagggaagg	ccagattttt	2340
tttttaatga	aattatatag	attagatctc	agtattttaaa	ctgttctcca	attttgtgag	2400
gctgtgttgg	aaataacccg	cctctagtgc	tgttggtatg	caaggcagcg	gtgcttaatc	2460
aatatttctc	gtgctcacca	gaggcaaaat	gtaccaatat	cctgacacca	ttctctctcc	2520
atttacttct	gggtggttacc	ctgaactcttg	actcttagaa	gtgcccagag	tggtggctaac	2580
ctttattaaa	cagatcgcat	attatgatct	tgtctcagcc	acagtgcagc	ttcacattaa	2640
ctctacagac	caaaccattt	gtatctggca	tcacttacta	acacacgaca	tgctggctttt	2700
ctgcatcaac	tgtctatgacg	gttaagaatg	tcagtataca	agaaggaata	gaaaactgat	2760
actgttttaa	ataatctgta	atttcaattt	tttttttttt	gctgaaatac	atttatattgt	2820
acgttttgaga	taattctagt	acaaaagtata	ataaaaactag	atgtataata	aaccttttaa	2880
atcattggta	agtgtacaag	tggtggaact	gaagcattta	ctggacaaaag	taatgttact	2940
ctaattggta	cctgtctgtg	cgttgccaca	ctgtgttata	atttgcttca	tttccttgct	3000
atttgataca	tagtgtgcat	ttctctgtca	ctgtaactat	tgtaatgaca	aatttttcac	3060
ttactgcaca	atcaaaatga	cattgatagg	aatgaactcc	agaggctggg	cctgaacagg	3120
gaggtggtcg	ctcaggcctg	gtgctcagtc	gtacgacctg	tacctctcaa	cttttgccct	3180
atctgtttaa	tatatgctat	gtcattaaat	gctttttaa	ctaaaaaaa	aaaaagttgt	3240
tggtcttctc	ctgctgcgtg	tgcctgcccc	gtagggaac	tgcaaagggg	agaaatgaca	3300
aacaagaaac	attttacaac	cagctctgggc	tcacttttgc	attttttatg	catgtctggg	3360
gcacaagctt	tgaaaactac	agcaaacagt	aataaatgtg	actgttttgt	agttataaga	3420
gagaaaaaaa	agaaaaaaga	ggaaaaaaa	agaaagaaaa	aagaagagga	ggagagaaac	3479

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gctcctccct	tcctttcttt	tacatttttag	tcttagcatt	tactttcccc	acccacatt	60
cttggaacag	cctttagtto	tacaggaaat	ggcactgatg	gacagaagac	tagcattacc	120
ttcatgaaag	ggctgttaga	gctgcctggg	aagaaggcgt	gccttgggga	actgggaaga	180
tgccgtcagt	gtgggtgggc	aggaggacag	ccagtgtctc	tgctgccagc	ccaatagctt	240
ccagcggcag	gtgcccagg	gctacccggg	cccttcatag	gggtaggggc	agggaactga	300
cctcctccag	gcactcctcg	taagcctcct	ggtactcctc	atggggcttg	accattatca	360
cacaggtggg	gogcttggga	cctggggctg	cacccaggto	cgttcagagg	ggaaagaagt	420

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg cttcctcaat cggaaacacg agtgggaggg 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctcctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120
agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgctgtctct ggaattccct accacagcga 180
ggtccctgtg agtttgaaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240
acacgtatcc aaagtaagac taaatgatgg caatgagtag ctcttccaag ccaaagacaa 300
agagaagcgg ttacgccttt ttggcaaaaa gaaatgaact cctttccttc acctcctgcc 360
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420
tcttgccgct tccatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttggggc 480
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600
gaggcagctg caggaggatg cagcccgcct ccaggcggcc tatgcgggtg acaaggccga 660
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtcctctc tggacgctg 720
tgagagccgc aggggtgcgc tggtggacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatggt 780
gcgcgacctc atgtctgga tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc 840
aagggatgta tcatctgttg aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag 960
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa 1020
agaaatgatc gacaagtggg aagaccgatg ggaatggtta agactgatcc tggagggtcca 1080
tcagttctca agagacgcca gtgtggcoga ggccctggtg cttggacagg agccgtacct 1140
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgagggtggg aagctcatca agcggccaga 1200
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctgac 1260
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcggcc 1320
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agaggaagcc gagtcccagc agcagtggga 1380
tacttcaaaa ggagaacaag ttccccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg 1440
gatggcagaa acggtggaca caagcgaaat ggtcaacggc gctacagaac aaaggacgag 1500
ctctaaagag tccagcccca tcccctcccc gacctctgat cgtaaagcca agactgccct 1560
cccagcccg agtgccgcca ccttaccagc cagaacccag gagacacctt cggcccagat 1620
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggccac aataagaaaag cctcaagcag 1680
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc 1740
aaagaactgt gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc 1800
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa 1860
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca 1920
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgagggt tctgccagca cccagagcac 1980
gccagcatcc agcgcgcgc agacccctcc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc 2040
cagtcocggc aagcgggaaa aggacaaaaga gaaagacaaa gagaagcggg tcagcccttc 2100

```

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctccgaggcc	aggaacgctc	cgtctggaac	ggcgcagact	tttgccatgg	gcttcacgac	60
gggcaccatt	tccagtatgt	accaaaccac	agccgtcac	attgcaatga	tcacacactg	120
ggtggtatcc	atttcagtc	ccatctctctg	ctttcagacc	aagggtggact	tcacctcgtg	180
cacaggccctc	ttctgtgtcc	tgggaattgt	gctcctgggtg	actgggattg	tcactagcat	240
tgtgctctac	ttccaatacg	tttaactggct	ccacatgctc	tatgctgctc	tgggggccaat	300
ttgtttcacc	ctgttccctg	cttaacgacac	acagctgggtc	ctgggggaacc	ggaagcacac	360
catcagcccc	gaggactaca	tcactggcgc	cctgcagatt	tacacagaca	tcactctacat	420
cttcaccttt	gtgctgcagc	tgatggggga	tcgcaattaa	ggagcaagcc	cccattttca	480
cccgatccctg	ggtctctccct	tccaagctag	agggctgggc	cctatgactg	tgggtctgggc	540
tttaggcccc	tttccctccc	cttgagtaac	atgcccagtt	tcctttctgt	cctggagaca	600
ggtggccctct	ctggtctatgg	atgtgtgggt	acttggtggg	gacggaggag	ctagggacta	660
actgttgcctc	ttggtgggct	tggcagggac	taggctgaag	atgtgtcttc	tccccgcac	720
ctactgtatg	acaccacatt	cttccctaaca	gctgggggtg	tgaggaatat	gaaaagagcc	780
tattcgatag	ctagaaggga	atatgaaagg	tagaagtgc	ttcaaggta	cgaggttccc	840
ctcccacctc	tgtcacaggc	ttcttgacta	cgtagttgga	gctatttctt	ccccagcaa	900
agccagagag	ctttgtcccc	ggcctcctgg	acacataggc	cattatccctg	tattcctttg	960
gcttggcctc	ttttagctca	ggaaggtaga	agagatctgt	gcccattgggt	ctccttgctt	1020
caatcccttc	ttgtttcagt	gacatatgta	ttgtttatct	gggttaggga	tgggggacag	1080
ataatagaac	gagcaaaagta	acctatacag	gccagcatgg	aacagcatct	ccctgggct	1140
tgtcctctggc	ttgtgacgct	ataagacaga	gcaggccaca	tgtggccatc	tgtccccat	1200
tcttgaaagc	tgtcggggcc	tccttgccagg	cttctggatc	tctggtcaga	gtgaactctt	1260
gcttccctgta	ttcaggcagc	tcagagcaga	aagtaagggg	cagagtcata	cgtgtggcca	1320
ggaagttagcc	aggggtgaaga	gagactcggg	gcgggcaggg	agaatgcctg	ggggctccctc	1380
acctggctag	ggagataccg	aagcctactg	tggtagtgaa	gacttctggg	ttctttccctt	1440
ctgctaacc	agggagggtc	ctaagaggaa	ggtgacttct	ctctgtttgt	cttaagttgc	1500
actgggggat	ttctgacttg	aggcccatct	ctccagccag	ccactgcctt	ctttgtaata	1560
ttaaagtgcct	tgagctggaa	tggggaaggg	ggacaagggt	cagtctgtcg	ggtgggggca	1620
gaaatcaaat	cagcccaagg	atatagttag	gattaattac	ttaatagaga	aatccctaact	1680
atatcacaca	aagggtatac	actataaatt	taataaaatt	tatgtctaga	agttaaaaaa	1740
aaaaaaaaaa	gtaaaattaa	tttgtgtc				1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

tttttaaaaca	aatagtttta	ttaccaaatt	tgaattctaa	ggaattacac	atttaaagaa	60
ataacataaaa	aaggccctac	tagtctaaaa	aagttttgga	gacttttttag	tgaaatgtca	120
tttcaggcct	agtgggtccga	atctgcccc	cctgcgggtc	catgcgatgc	cctgctgagg	180
tctgtgaaca	cagctcatga	gaaaccacgg	aaatggcccg	aatgtgctta	cgtgtgaaaa	240
tactgatact	gtgattcaac	agagctgttt	ttcaagccag	gatgcagaat	gaggaatact	300
aatgaaatga	cggcctttta	ggttggttgc	tttgaagtca	agtcattcag	tttgtgatta	360
gtgtttaaaa	cctgaaaaat	atttaataca	gaataaaaac	aataagctca	aagtacatgt	420
ttcactataa	tagacacccat	attcatgaac	ctgggttttg	ttttggcaac	acataatttt	480
tgggtttagaa	gtgaacaatg	aaaacggatg	tttcacattc	aatatcctag	tcttttaaaaa	540
cctatgttaa	aggacagcac	agtctttcaa	aggaagaaaa	ctatgtaagc	tttatttttaa	600
cagtgggaagt	taaaactaaac	cttgatctgc	ctaattgctc	acatctatat	atatatatta	660
gtaattttata	tagatgtcag	caattaggca	gatcaagggt	tagtttaact	tccactgtta	720
aaataaaagct	tacatagttt	tcttcctttg	aaagactgtg	ctgtccctta	acatagggtt	780
ttaaagacta	ggatattgaa	tgtgaaacat	ccgttttcat	tgttcacttc	taaaccaaaa	840
attatgtggt	gccaaaacca	aaccacaggt	catgaatatg	gtgtctatta	tagtgaaaca	900
tgtactttga	gcttatttgt	tttattctgt	attaaatatt	ttcagggttt	taaacactaa	960
tcacaaaactg	aatgacttga	cttcaaaaagc	aacaacctta	aaggccgtca	tttcattagt	1020
attcctcatt	ctgcactctg	gcttgaaaaa	cagctctgtt	gaatcacagt	atcagtattt	1080
tcacacgtaa	gcacattcgg	gccatttccg	tgggtttctca	tgagctgtgt	tcacagacct	1140
cagcagggca	tgcgatggac	cgcaggaggg	cagattcgga	ccactaggcc	tgaaatgaca	1200
tttcactaaa	agtctccaaa	acatttctaa	gactactaag	gcctttttatg	taatttcttt	1260
aaatgtgtat	ttcttaagaa	ttcaaatttg	taataaaaact	atttgtataa	aaattaagct	1320
tttattaatt	tggtgctagt	attgccacag	acgcattaaa	agaaaacttac	tgcacaagct	1380
gctaataaat	ttgtaagctt	tgcatacctt	aaaaaa			1416

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

gtattgtaca ctgacgcgct cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt 2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2517

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgcocctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtota aatacccoct 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcgggtattt cactctagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttggaaaacc 300
tacgttccct ccaacttccct ggtggtgttg tccctgggtt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtccctg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420
taatatcctc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgttgat cactatccca aactactgtt tcccttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcac gccataggto 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgaactg aataatattt gactctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatott aatcaaggac attcccatgg agcccaagat taaaaatgta 960
ctcagggtct tttattcggg ggctccctgg ttgtcattta cctcatataa agaatgggaa 1020
ggagaccatt gggtaacctt caagtgtcag aagttgttct taaagtaact atacatgttt 1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctattttaggg agtaacattt 1140
tctagttttt gtttctgggt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tgggaagtcaa 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca 1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa 1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctgggttcta agatacaatg gattcccoct 1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat 1440
acacacatcc atcctaaaat atactaaagc ccttttccca tgcattggatg gaaatggaag 1500
attttttttt aactgtttct agaagtotta atatgggctg ttgcaatgaa ggctgcaga 1560
attgagtcda tttcttagct gcttttatcc acatagtgat ggggtactaa aagtaactggg 1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagctctgtc attgctgtcta ctctaaca 1668

```

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

cagagtga	aa	ccttgtgc	ct	ggtgaccaa	aa	gtccctccaa	agtgcctctt	cttctgggtt	60
attcaagc	ca	aatatctg	gg	tttccccct	ct	tctcattcc	ctagcaaac	ccaattat	120
tccaagat	ag	gagatatt	tc	ccatcccc	ct	cctttgtaa	tatctcat	cccactgg	180
agcccagg	ag	cctattct	tg	gcatggat	gt	tctgtccac	cttgaggct	ggcgggtg	240
cagaccct	tc	aagcagcc	tg	gctggggcc	cc	aggactgag	ctggggtc	agcttcac	300
cgcttttc	cc	ttcgtcacc	ca	cccaccac	ag	cccacctgc	atgcattgg	agccctcca	360
ctccagcc	tg	agccatgt	gt	gccccctg	cg	gaggaccat	tcatgccag	aagctggta	420
ctccctcc	ca	gcctccct	gc	ggaaggag	tc	agtttctg	agtgtgact	ttcaaggcg	480
atgatggg	ga	aggggttc	cc	agtcaccac	ca	gtggcccc	ctctggg	tcacccag	540
cccttctg	tg	tcaaggcg	gg	ctgtgcacc	cc	atgcacac	ctacgcac	acaacact	600
gcactgc	agt	atattctt	gc	caaagatt	tc	ctttaaaag	aagcacttt	actaattat	660
attttgt	aaa	tgtttatc	tt	cttctgtc	tt	ctccctcc	gaatctatt	tactgttgt	720
tatttgt	gaa	tctgtgtg	tc	agccaggag	ga	gcgtgtct	gccttgaac	tgggctggg	780
tgggaagg	gg	tctgggag	aa	gatgggca	ac	aaagagcc	agagtcatt	acatgcag	840
gacgcag	acc	ccagcagg	tt	cagtccct	tg	ctgccacc	ctgtccagt	gggtgtctg	900
aggggaag	agg	gcagagg	ag	gtcatgtc	cc	ttcagctg	ggagggg	agtgagctc	960
acgtggct	tt	ttccaaag	gg	gagcaagg	ag	gaaggatt	ggcagaaa	aatggagag	1020
ggacctgc	ga	aggaaaac	ag	ggaggaa	gt	agcggttt	ga	tcagcctgt	1080
tctggctc	tc	ttatttag	cc	aggcctta	aa	gggacag	ata	cacatcc	1140
aaaggcct	tt	gaccatgt	tc	atctgag	ct	ctcctcag	agctctg	aaa	1200
ccaatggc	ca	ggattcct	tc	tccctgtt	tt	ttgaggat	cctgggtc	ctgagact	1260
ccaggag	agg	gatgtgtg	gg	ccagtgg	tt	tgtgaaag	ca	ggagggg	1320
caagtgt	gat	ccccata	aa	acggctct	ca	ggaggtta	gt	taggaga	1380
ttctgat	gag	cctgtgc	agg	ggctccag	gg	gagcatgt	tc	aggggg	1440
ggtgagt	gtg	atcaaat	cta	gtctcact	cc	cacttttt	tag	tctcactc	1500
accaccc	ctg	cctcctgg	at	cttctccc	ac	tttttttt	tc	agctttag	1560
tctgtg	agt	caaggcag	ac	acccaat	cct	gccccac	ac	tcgggggt	1620
ggggggc	aga	gtcccag	ag	agccctta	c	ccagggtc	ca	ggccctgg	1680
cgctttc	ct	tggccagt	gg	taacacag	ga	cgtgtgtg	cgc	catgtgca	1740
tgtgtgt	gcg	tgtgtttt	gc	tcatttct	tt	agggaa	acttg	ggagtcgg	1800
tgggcaat	gg	aacttcaa	aat	tcaatgt	cgc	ccagcagt	ga	ggggagtc	1860
ctgtagg	cca	accaattg	gt	ggagtctc	ag	cgataccc	ag	gtgagaag	1920
aggggcag	gg	tggggg	ccctc	gggcagat	ct	gtccctct	tg	gcccctct	1980
ccaaaat	gtt	ggaggacc	tc	tgttccat	at	ccacgctg	gg	ctcttgcc	2040
tactgtag	ag	ggatgtcc	ca	agcttgtt	tt	ccaatcag	tg	ttagctgt	2100
ctgtgtct	gt	gtttgttt	tg	tgctgtgt	tg	tgagagca	ca	tcagtgtg	2160
ttccccat	ttt	ctctcctc	cc	ttcagacc	ca	tcattgag	aa	aaatgta	2220
ccaccacc	ct	ccctgcct	cc	caggccct	ct	gcggggga	aaa	caagatcc	2280
ccccaccc	ca	gotgtgat	tt	tatatag	atg	gaaatata	ct	ttatat	2340
cctatag	cgc	ctgccacc	gt	gtataaat	cc	tgggtgat	gc	tccttat	2400

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

gtccctggcg	ccctgccttt	agccgtgggg	ccccaccto	caccctctgg	gtttcctagg	60
aatgtccagc	ctcggagacc	ttcacaaagc	cttggggagg	tgatgagtgc	tggtcctgac	120
aagaggccgc	tggggacact	gtgctgtttt	gtttcgtttc	tgtgatctcc	cggcacgttt	180
ggagctggga	agaccacact	ggtggcagaa	tcctaaaatt	aaaggaggca	ggctcctagt	240
tgctgaaagt	taaggaaatgt	gtaaaacctc	cacgtgactg	tttgggtgat	cttgacctgg	300
gaagacgcct	catgggaacg	aacttggaca	ggtgttgggt	tgaggcctct	tctgcaggaa	360
gtccctgagc	tgagacgcaa	gttggctggg	tggtccacac	cctggctctc	ctgcaggctc	420
acacaccttc	caggcctgtg	gcctgcctcc	aaagatgtgc	aagggcaggc	tggtctgcacg	480
gggagagggga	agtatttttg	cgaatatatga	gaactggggc	ctcctgctcc	cagggagctc	540
cagggccctc	ctctcctccc	acctggactt	ggggggaact	gagaaacact	ttcctggagc	600
tgctggcttt	tgcacttttt	tgatggcaga	agtgtgacct	gagagtccca	ccttctcttc	660
aggaacgtag	atgtcggggt	gtcttgccct	ggggggcttg	gaacctctga	aggtggggag	720
cggaaacact	ggcatccttc	cccagcactt	gcattaccgt	ccctgctctt	cccaggtggg	780
gacagtggcc	caagcaaggc	ctcactcgca	gccacttctt	caagagctgc	ctgcacactg	840
tcttgagaca	tctgccttgt	gcctggcaact	ctgccggtgc	cttgggaagg	tgggaagagt	900
ggactttgtc	ctggccttcc	cttcatggcg	tctatgacac	ttttgtgggt	atggaaagca	960
tgggacctgt	cgtctcagcc	tgttgggttt	tcctcattgc	ctcaaaccct	ggggtaggtg	1020
ggacgggggg	tctcgtgccc	agatgaaacc	atlttgaaac	tggcagcag	agtttgtcca	1080
aatgaccttt	ttcaggatgt	ctcaaaagct	gtggccaaagg	tcacttttct	ttcctgcctt	1140
ctgctgttag	ccctgagatc	ctcctcccag	ctcaagggac	aggtcctggg	tgaggggtgg	1200
agatttagac	acctgaaact	gggcgtggag	agaagagccg	ttgctgtttg	ttttttggga	1260
agagctttta	aagaatgcat	gtttttttcc	tggttggaat	tgagtaggaa	ctgaggtctg	1320
gcttcaggta	tggtaacaat	aagtggggga	ttttcatgct	gaaccattca	agccctcccc	1380
gcccgttgca	cccacttttg	ctggcgtctg	ctggagagga	tgtctctgtc	cgcattcccg	1440
tgcagctcca	ggctcgcgca	gtttttctct	tctccttgga	tgttgagtct	cattcagaata	1500
tgtgggtagc	gggtggacgt	gcacgggtgc	atgtattgtc	ttaaacttgg	tgtatttttc	1560
gatttgacat	ggaaggcctg	ttgctttgtc	cttgagaata	gtttctcgtg	ttccctctgc	1620
aggcctcatt	ctttgaacat	caactctgaa	gtttgataca	gataggggct	tgatagctgt	1680
ggctccctct	ccctcttgac	tacctaaaat	caatacctaa	atacagaagc	cttgggtctaa	1740
cacgggactt	ttagtttgcg	aagggcctag	atagggagag	aggtaacatg	aatctggaca	1800
gggagggaga	tactatagaa	aggagaacac	tgccactttt	gcaagccagt	gacctgcctt	1860
ttgaggggac	attggacggg	ggccgggggc	gggggttggg	tttgagctac	agtcattgaac	1920
ttttggcgtc	tactgattcc	tccaactctc	cacccccaca	aataacgggg	accaatattt	1980
ttaaactttg	ctatttgttt	ttgggtgagt	ttccccctcc	cttattctgt	cctgagacca	2040
cgggcaaagc	tcttcatttt	gagagagaag	aaaaactggt	tggaaaccaca	ccaatgatat	2100
ttttctttgt	aataacttgaa	atttattttt	ttattatttt	gatagcagat	gtgctattta	2160
tttatctaat	atgtataagg	agcctaaaca	atagaaagct	gtagagattg	ggtttcattg	2220
ttaatgggtt	tgggagcctc	ctatgtgtga	cttatgaact	ctctgtgttc	tgtgtatttg	2280
tctgaattaa	tgacctggga	tataaagcta	tgotagottt	caaacaggag	atgcctttca	2340
gaaattttgta	tattttgcag	ttgccagacc	aataaaatac	ctgggttgaaa	tacaaaaaaa	2400
aaa						2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

caagtgtgag	ccaccacacc	tggcctggaa	ggaacctctt	aaaatcagtt	tacgtottgt	60
atthttgttct	gtgatggagg	acactggaga	gagttgctat	tccagtcaat	catgtcgagt	120
cactggactc	tgaaaatcct	attggttccct	ttatthttatt	tgagthttaga	gttcccttct	180
gggtthttgat	tatgtctggc	aaatgacctg	ggthttacact	tttccctccag	ggthtagatca	240
tagatcttgg	aaactcctta	gagagcattt	tgctcctacc	aaggatcaga	tactggagcc	300
ccacataata	gatttccattt	cactctagcc	tacatagagc	tttctgttgc	tgtctcttgc	360
catgcacttg	tgcggtgatt	acacacttga	cagtaccagg	agacaaatga	cttacagatc	420
ccccgacatg	cctcttcccc	ttggcaagct	cagttgccct	gatagtagca	tgthttctgtt	480
tctgatgtac	ctthttttctc	ttcttctttg	catcagccaa	ttcccagaat	ttccccaggc	540
aattthttaga	ggacctthttt	gggttccctat	atgagccatg	ttctcaaagc	ttthtaacct	600
ccttgctctc	ctacaatatt	cagtacatga	ccactgtcat	cctagaaggc	ttctgaaaag	660
aggggcaaga	gccactctgc	gccacaaagg	ttgggtccat	cttctctccg	aggthttgtgaa	720
agthtttcaaa	ttgtactaat	aggctggggc	cctgacttgg	ctgtgggctt	tggtgggggt	780
aagctgcttt	ctagatctct	cccagtggag	catggagggtg	tttctgaatt	ttgtctacct	840
cacagggtatg	ttgtgaggct	tgaaaaggct	aaaaaatgat	ggccccctga	gctctttgtgta	900
agaaaggtag	atgaaatctc	ggatgtaatc	tgaaaaaaag	ataaaatgtg	acttccccctg	960
ctctgtgcag	cagtcgggct	ggatgctctg	tggcctttct	tggttccctca	tgccaccccca	1020
cagctccagg	aaccttgaag	ccaatctggg	ggacttttcag	atgtttgaca	aagagggtacc	1080
aggcaaaactt	cctgctacac	atgccctgaa	tgaattgcta	aatttcaaag	gaaatggacc	1140
ctgctthttaa	ggatgtacaa	aagtatgtct	gcacgatgt	ctgtactgta	aatttctaat	1200
ttatcattgt	acaaagaaaa	ccccttgcta	tttaattttg	tattaaagga	aaataaagtt	1260
ttgtttgtta	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

gcgaggagct	ggcacgcagc	cagggccttt	gctcaagaag	ccataccagc	caagaattaa	60
aatctctaaa	acatcagtg	atggtgatcc	ccactttgtt	gtggatttcc	ccctgagcag	120
actcacctg	tgttccaaca	ttgatgggca	gcccggggac	atcctcaggc	tgggtctctga	180
tcacagggac	tctgggtgca	cagtgaacgg	agagttaatt	ggggcaccgg	ccccccaaa	240
tggccacaag	aaacagcgca	cttacttgcg	cactatcacc	atcctcatca	acaagccaga	300
gagatcttat	ctcgagatca	caccgagcag	agtcattctt	gatgggtggg	acagactggg	360
gctccccctg	aaccagagtg	tgggtggggg	gagctggggg	ctggaggtgt	ccgtgtctgc	420
caacgccaat	gtcacogtca	ccatccaggg	ctccatagcc	tttgtcatcc	tcattccacct	480
ctacaaaaag	cgggcgcctt	tccagcgaca	ccacctgggt	ttctacattg	ccaacagcga	540
gggcctttcc	agcaactgcc	acggactgct	gggtcagttc	ctgaatcagg	atgccagact	600
cacagaagac	cctgcagggc	ccagccagaa	cctcactcac	cctctgctcc	ttcaggtggg	660
agagggggct	gagggcgctc	taacagtga	aggccaccaa	gtcccagtg	tctggaagca	720
aaggaagatt	tacaacgggg	aagagcagat	agactgctgg	tttgccagga	acaatgccgc	780
caaactgatt	gacggggagt	acaaggatta	cctggcatcc	catccatttg	acacagggat	840
gacacttggc	cagggaatgt	ccagggagct	ctgaagctgg	cagccttaaa	gatgcaagt	900
catgaaggac	agtgatgtgg	ggaggccgtg	gggcagctct	tttcatggct	tgtacacgcc	960
tcagctcctg	gcaattagct	ggactccatg	acccaccctt	ggtgcagcat	agatccgacg	1020
tctgtctggg	cgaagggtag	gggtgggtag	gggcgggaag	cctgagtgca	aatgtcattt	1080
ccctctactg	cctcttctct	cctctcccca	ccctgcccac	atccacagag	gggagagaag	1140
ggatcatagc	aaatgcaaca	aagtctgtat	cttgtcccaa	cctgcttttc	tgttctgtta	1200
gcatatcata	aagttaagcct	ttctggtgaa	ggaaggttgc	tatgaaactt	ttttctttgg	1260
tggaaatggc	caagtttagg	cactctgctt	tttgcccttac	actaatgctt	agaaagctgt	1320
cttttcagtg	gtgttgacgc	ccccagatgt	gtggccaacc	tctgctgcaa	aggaatctct	1380
tgtgagtc	aggccaccaa	tcaggcaaat	agcccataca	tttgatcggt	gtaaacctatg	1440
aagtcttttc	ttgcaagacg	ttttctctct	gctgtggtat	cttgccctta	aaaattagtt	1500
ttcattaaaa	agaaatttga	ttgaaaataa	aaa			1533

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

agaagttccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg      60
tggtgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccgggac accatagact    120
atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggctg    180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcacccct gcggaaccgc aagggccttg    240
tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg    300
aagtgtacaa gcaggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt    360
tcagaaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg    420
acacctgggg gctgggtgcc tactccaagc ccatcaccac tgttgtggga gagcccatca    480
ccatcccca gctggagcac ccaaccacgc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca    540
tgagggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccac gttcggcctc ccggagactg    600
aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggcccaatt ccctggagga accagctgca    660
aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tattttaaag    720
aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt    780
cagtatttca agttctttca cttccagctt gccctgttct aggtgggtggc taaatctggg    840
cctaattctg gtggtcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgac aaaggaaaact    900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt    960
tttgccctta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccctttt attgccacta   1020
ccccacgctc gtctagtcct gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaag ggaggagtgt   1080
gagagcacag ttgcccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagtttg   1140
atctcccttc tgccaccctt acctcaccct tagtcactca tatcggagcc tggactggcc   1200
tcaggatga gtaggggggt ggcaatgaca gctgcaggg gaaagagctt tcgcccgttg   1260
acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta                      1304

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

gagaaacggg	gacccctgga	ccaaactttc	aagaaaggat	aaagattaaa	actaatggac	360
tgggtattgg	tgtaaatgaa	tcacatacaca	atatgggcaa	tggtctttca	gaggaaaggg	420
gaaacaactt	caatcacatc	agtcccattc	cgccagtggc	tcacccccga	tcagtgattc	480
aacaagcaga	agagaagctt	cacacccccg	aaaaaaggct	aatgactcct	tgggaagaat	540
cgaatgtcat	gcaggacaaa	gatgcacctt	ctccaaagcc	aaggctgagc	cccagagaga	600
caatattttg	gaaatctgaa	caccagaatt	cttcacccac	ttgtcaggag	gacgagggaag	660
atgtcagata	taatatcggt	cattccctgc	ctccagacat	aaatgatata	gaaccgggtga	720
caatgatttt	catgggggtat	cagcaggcag	aagacagtga	agaagataag	aagttttctga	780
caggatatga	tgggatcatt	catgctgagc	tggttgtgat	tgatgatgag	gaggaggagg	840
atgaaggaga	agcagagaaa	cctgcttacc	accccatagc	tcccatagt	caggtgtacc	900
agccagccaa	accaacacca	cttcctagaa	aaagatcaga	agctagtctt	catgaaaaca	960
caaatcataa	atccccccac	aaaaattcca	tatctctgaa	agagcaagaa	gaaagcttag	1020
gcagccctgt	ccaccatttc	ccattttgat	ctcagacaa	tggagatggg	actgaggatc	1080
catccttaac	agctttaagg	atgagaatgg	caaagctggg	aaaaaagggt	atctaagagt	1140
tgtaccacct	atataaacat	cctttgaaga	agaaactaag	aagcatttgc	aaattttctt	1200
tctggatatt	ttgtttattt	tttctgaagt	ccaaaaaatt	atcattacag	tgtaccatat	1260
taagccatgt	gaataagtag	tagtcattat	ttgtgaaaaa	ttcccaaaaa	gctgggggaaa	1320
acaaatgtgt	aactttttca	gttacttgac	acgatttcagt	gggggaaaaa	cagcattttt	1380
tattctattg	ataccaaaag	atttctaata	agagcttggt	aaattttaaga	ataaagtatt	1440
ttaaaatata	aagagtatag	tatatctaact	ggcattgtaa	ttttgatgat	acaaagattg	1500
aaagatcata	ggaaagcatt	gcccttcatt	acagaagtat	tcaactctga	caaataaata	1560
tgtcatcctg	aattaaaaat	gccttaataa	aagtacatcc	tcttgctaaa	aa	1612

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 387 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

gggggtttcac	cccacattcg	tcagggttgg	ttcaaaactcc	ctgacotttg	tgatcccaacc	60
cggcctgggc	ctccccaaag	tgcctgggat	taccaggcat	gagcccatca	cacccctggtc	120
aactttcttt	tgattagtgt	ttttgtggta	tatctttttc	catcatgtta	ctttaaatat	180
atctatatata	ttgtatttaa	aatgtgtttc	ttacagactg	catgtagtgt	gggtataattt	240
ttatccagtc	taaaaaatcc	tgtcttttaa	ctgggtgtta	gacaatttat	atttaataaaa	300
attgtttgaat	ttaagatgga	tgacgggtat	tgggtggcgg	tcaccacttc	tggtttattct	360
cttcacagaat	tttttggtat	gttaaat				387

```

gggaggagat caacagggct ggcatggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtgg cagttttact 420
gttgctcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggctc 480
actatgggtga ggaaatggac atgattttcct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaagtgtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagttttctg ctgctctctt tccttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttcctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaaccat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgaactgatg tggcttctct gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaataaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttcccactc cctgctcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggtg 1200
aaatggggga atggaagggt ttggaggcag aggttggaagg ggtttcctg 1260
aattagaaga caaacgttag cataccagt aaggaaaatg agtgcagggg ccaggggaac 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaagggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380
ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa 1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tctaggaag gctggcagac 1500
acctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga ttttttgggt 1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca 1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca 1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

ggccatggaa attaaagtgt aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gacttttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatgggc 120
aaaagtcaagt gtatgcagta agttctaatc acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaactttctaa gacaagcctc agagagaaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccctttta caggcctaca acccaccaga 300

```

attacgggttt	gaacataatt	ggagaacott	tccttcaagc	agaaacaagc	aactgagggg	240
aaaagaaaaca	caacaatagt	tttaagaaatt	tttttttttaa	ataaaaaaaaa	ggaaaagagg	300
aagactggac	aaaacaacac	aaaggcagaa	aggaaagaaa	ctgaagaaag	aagataatag	360
accagcaatt	gcagcaacta	caatcactaa	ttcccttaag	gttgaaactg	taatgacata	420
aaaaggggtcg	atgatatttc	actgatggta	gatcgagcc	cctgcaacgt	agcctttgtt	480
acatgaagtc	cgttgggaaa	tagatgttct	gtctctatga	caatatattt	taactgactt	540
tctagatgcc	ttaatatattg	catgataagc	tagttttatt	ggtttagtat	tcttgttgtt	600
tacgcattgga	atcactattc	ctggttatct	caccaacgaa	ggctaggagg	cggcgtcaga	660
ggtgctgggt	gacagagcca	tgagccagcc	attttataag	cactctgatt	tctaaaagtt	720
aaaaaaaaata	tatgaaatct	ctgtagcctt	tagttatcag	tacagattta	ttaaatttcg	780
gccccttaacc	cagccttttc	cagtgtgtaa	cccagtttga	aatcttaaaa	aaagaaaaaa	840
tgaaaaaaaaa	aggaaaaaaa	gaaaaaagga	aaaaaacagt	ttgaacacaa	aggctctatg	900
gaagaaatgc	ctctatgtag	gtgaagtgtt	ctctctgcat	gcaacagtaa	aaattaatat	960
aatattttcc	ccacaaaaga	aacacttaac	agaggcaagt	gcaattttata	aatttatatc	1020
taaaggggaa	tcatgattat	aagtccttca	gccccttgac	tctaaattga	ggggattaaa	1080
aagaatttaa	aataattttg	aacgaattta	ttttcccttc	agtttttgag	ggcattaaaa	1140
aggcattaaa	tcaagacaaa	tcatgtgctt	gagaaaaata	aaattaatga	aaacacagca	1200
cttatgttgg	tttagctgca	gcctccttgg	aggtagaatt	tatttattta	aaattactgg	1260
ttgcatcaag	aacctatagg	gtgtacaaaa	ggttctataa	aatctgcatt	atagagacaa	1320
agaggcaggc	aaatccatgt	cacaagggtg	aagcttacag	tttacaact	gggaacgcca	1380
gggtgtagga	tataaaaacg	cactcttgag	aaaacaaatg	taatcagggt	gctgaaaact	1440
tgcattggtgc	tttcagacat	tagccttggt	caacaaattt	cttgatttga	cagatccata	1500
gtgtgcatgg	gcagacacat	tttgccctca	tgtctcttaa	aattttaatt	aaaaatactc	1560
tttcacgtaa	tcctaatttg	cacgaagata	taatgtccac	attacgtgcc	ttgccttgaa	1620
atctaaaaaa	caaaaaacaa	aaaagaaaag	gaacaaaaaa	atacaacaaa	gtgacatcac	1680

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

cattgtttgc	aaaaatccca	ggcagcatgg	acctcagttc	ttcttgggta	cttctgcccc	60
tagtcaacct	ggcctggggc	cagtatggcg	attatggata	cccataccag	cagtatccatg	120
actacagcga	tgatgggtgg	gtgaatttga	acgggcaagg	cttcagctac	cagtgtcccc	180
aggggcagg	gatagtggcc	gtgaggagca	tcttcagcaa	gaaggaaggt	tttgacagac	240
aatggaaacta	cgcctgcattg	cccaagccac	agagcctcgg	ggaacccacg	gagtgtctgt	300

```

cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatgg 1800
ctagcgatta tttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtgca 1860
gaaatttccct cagccactgg agggatttcg accatatttg tcatttggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc tttagaaaacg caaagctgtt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcattggagg tgtttgctgt ttacaggaa aaaataaaaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
atthttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaacccattt atacatattt cttagttagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcca actgtttcta tttatatttg atttatattt catttggagt 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataatgagta 2640
tgatctattt cttttcaaat aatctttgag atcccaggaa aaaaaaatg ctctgctcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttaa aaaacagggtg aggcaagtga gtgatttatt 2760
gttcctgagg aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt cctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tccactagcga acttccatga catttccctt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagttatct atacacagtg taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtgtt ctatatcggt tatactaact ttcattttaa gtatttatto taaaatgcct 3060
ctgagaaaac gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

aataatttga tgcattctga atttatattt ctcattattgt tgtagatttt aacatttgtat 60
ttttttcttt ttttttccct cctgtgtgcc tctctctctt caacagtccct ggtacctggg 120
ctagcttggg tcttttccaa gtgtcaaaata ggacacccat cttaccgggc aatgtccaaa 180

```

tgcttttcaga	aaaccatttt	ctctgcaaag	aaaggaaaca	gatttgcaaa	cttttaaagtc	1620
tgctgtggat	ttatttatcc	tcagattatt	gttactgcat	taaatctacc	tttttgtttt	1680
aagttgcttg	aacattaaaa	aaaaaaaaaa				1710

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1089 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cgctggataa	aagcattaac	catcagatcg	agtctcccag	tgaaaggcgg	aagtctataa	60
gtggaaagaa	gctgtgctct	tctgtgggc	ttcctttggg	taaaggagct	gcaatgatca	120
tcgagaccct	caatctctat	tttcacatcc	agtgtttcag	gtgtggaatt	tgtaaaggcc	180
agcttgagga	tgacgtgagt	gggacggatg	ttaggattcg	aaatgggtctc	ctgaactgta	240
atgattgcta	catgcatcc	agaagtgcg	ggcagcctac	aacattgtga	cacggcttcc	300
aagcttcggg	atcactcacc	atttctttac	tgagagtgtc	ccctggcaac	tgcttaacaa	360
aatcccaagc	tcaggggctt	ctcagcattt	acctaatttc	tgaaaggctc	ttctgaaagg	420
tggtatctgt	tctttcgtag	cacagtgttt	atgtttttcc	tgtttattgt	tttggttttt	480
tggttttttt	ttgcatttgc	acagtataca	caaaagaata	tggggttgta	atgatcctga	540
atagctcaaa	aaaggtttta	gcattggtcaa	acaggcttat	ggtttaaaat	gtgttattct	600
cttctttggg	aattagctaa	atgatgcaat	aaacctgttt	tgttttagaa	tgtctaggaa	660
ttaaacactt	tatgtttaca	gaattgagct	gcagaaagtg	caagacatgc	caatttgaga	720
cacacggctt	tctaagactg	aaggataaat	ttaatgcatt	tcagaaacta	aacatcacag	780
caagctctat	ctctgagcta	taatttgttt	ttaatgcaaa	gacactagtt	tgataatata	840
tactgtaatc	ctgaaacatt	tgtgttactt	acctttggag	gtagaaatta	taccaataaa	900
ttattgcacc	gttagtatta	gattctgtgt	accttggaag	ttatgtcatt	aatatagget	960
ggttcatcaa	ataaagcaaa	accttgcaat	atcagctaga	tttactctcc	gggacgttgc	1020
ccaaaggtag	gaagaaagca	gagggaaata	tttcagtcac	catttccaaa	gtcattatca	1080
aaatctgtga	ggaagttaa	tcttccaaag	agtcaatgtc	agacatcagg	cctctgttgc	1140
ctgctctctc	cgaggcacta	gattaggagt	cttcaataag	agacttaaca	tgaggatatat	1200
ggaagatgag	gcaccgagat	aagttcatca	ttaggtgtga	gcactgtcca	cccttgctgg	1260
caagttctcc	ttaaggccct	gaagcacagg	tgcccaagaa	aaagcggtta	gtccatctta	1320
atagaatcta	tgtggtatat	gatgtgttca	gcccttggtc	tgtgatcagc	aagaacctac	1380
agcacagatt	atgccctgcc	cacttcaatg	aatacctact	ctcctccatt	ctccatcaact	1440
ttttttgcta	tcaagaactc	cggaccttgc	ccatggagaa	gtttagagag	gaactcttgt	1500
ggagagctgg	tttattttct	gccctgtgag	acgagtttca	gctggccaag	aaaggagtca	1560
agttattaaa	aagcatcaca	atgtagatct	ccaggctggt	tttttgtttt	ttgtgtgtta	1620
gaactggggaa	agggggaacta	tttattctgc	cttaaatcaa	tggcaataaa	gtcaagatga	1680

tttattaaaa	gaagattacg	ttttacaatg	taactataat	ctcttgaatt	tggtatctta	2580
ttaatgagtt	ttaaagatgt	aaaacctaac	ctttttttaa	gctccattgt	cttatgtttt	2640
tagaggcttt	tccgtaaaca	tatatcttac	atataataaa	cttttcaa	cttgcaaaaa	2700
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			2738

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

cgccgcgggc	cctcctccca	gagcggcagc	cttttccgcg	gcgtgctgcc	ttcgccgctc	60
gggcgcggcg	ggggaaaaca	tgccgtctgc	cctggagcag	ttcgtgaaca	gtgtccgaca	120
gctctcagct	caagggcaaa	tgacacagct	ttgtgaactg	atcaacaaga	gtggggaact	180
ccttgcgaa	aacttatccc	atctggacac	tgtgctcggg	gctctggatg	tacaagaaca	240
ctccttgggc	gtccttgctg	ttttgtttgt	gaagttttct	atgcccagtg	ttcctgactt	300
cgaaacgcta	ttctcacagg	ttcagctctt	catcagcact	tgtaatgggg	agcacattcg	360
atatgcaaca	gacacttttg	ctgggctttg	ccatcagcta	acaaatgcac	ttgtggaaa	420
aaaacagtga	caacataaga	tccaatgtgc	tgccatcttt	gagaacttat	ctgaaagaga	480
tgtcatttct	gacagcgcct	gcgaggaatt	ggcatcctta	agcaagccat	agacaagatg	540
cagatgaata	caaaccagct	gacctcaata	catgctgata	tctgccagct	ttgtttgcta	600
gcaaaatgct	ttaagcctgc	ccttccatat	cttgacgtgg	atatgatgga	tatctgtaaa	660
gagaatggag	cctatgatgc	aaaacacttt	ttatgttact	attattatgg	agggatgatc	720
tatactgggc	tgaagaactt	tgaaagagct	ctctactttt	atgaacaggc	tataactact	780
cctgccatgg	cggtcagtca	tatcatgttg	gaatcatata	aaaagtatat	tttagtgtct	840
ttgatattac	ttggcaaagt	acaacagcta	ccaaaatata	catctcaa	tgtgggtaga	900
ttcattaagc	ctcttagcaa	tgcataccac	gagttagcac	aagtgtatc	aaccaacaac	960
coctcagaac	tccgaaacct	ggtgaataag	cacagtga	ccttcaactg	cgataacaac	1020
atggggctgg	tgaagcaatg	cttgtcatct	ctttataaga	agaatattca	gaggctaaca	1080
aagacctttt	taactctatc	attacaagat	atggcaagtc	gtgtgcagtt	gtctggacct	1140
caggaggcag	agaataacgt	tctgcacatg	atagaagatg	gtgagatttt	tgcaagtatt	1200
aaccagaagg	acggtatggt	cagtttccat	gataaccctg	aaaaatataa	taaccagacc	1260
atgcttcata	acattgatca	ggagatgctg	aagtgcattg	agctggatga	gcggctgaaa	1320
gccatggacc	aggagatcac	agtgaacctc	cagtttgtac	aaaagagtat	gggctcacia	1380
gaagatgatt	caggaaacaa	accatccagt	tattcttgaa	actaacatcc	atcctgagct	1440
aaacaagaga	aactaccatc	ttggccagtg	acaagtgttc	ggagggcagc	agagaggacc	1500
aagcctgtgt	cacctggaga	ctaagaaatt	aagttttgtt	ttgacatctt	cagtcctgtg	1560

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

gctccgtgcc	agcatgctac	cctggggaggc	acatccaggc	ttgggaaaacg	gggggtgtcct	60
ggatctcatg	actccagcag	caccagctgc	tctctttcct	cttccaagta	gacttccggt	120
cccccccccac	ttgggtgttt	ttgtttgttt	tagcaattca	gagctcaaga	taaagacctt	180
aaagataaact	ttgtgtgtct	ctccctttct	aggtattttgc	ataggaatca	gaggagttaa	240
tcttgtctct	tctcacaggt	ttgaatcttc	agacaaactt	ctgggaggac	tcgggtccatg	300
cctcgcagca	gatgttccct	gtcaatcagt	aggcaaatgt	gctacccatt	ctccccagaa	360
atctcaccag	tgtgtctact	gtgagaagac	gttcaaccgg	aaagaccacc	tgaaaaaacca	420
cctccagacc	cacgacccca	acaaaatggc	ctttgggtgt	gaggagtgtg	ggaagaagta	480
caacaccattg	ctgggctata	agaggcacct	ggccctccat	gcggccagca	gtggggacct	540
cacctgtggg	gtctgtgccc	tggagctagg	gagcacccag	gtgctactgg	accacctcaa	600
agcccatgcg	gaagagaagc	ccccatagcg	aaaccaaggaa	aagaagcacc	agtgcgacca	660
ctgtgaaaga	tgtttctaca	cccggaagga	tgtgcgacgc	cacctggtgg	tccacacagg	720
atgcaaggac	ttcctgtgcc	agttctgtgc	ccagagattt	gggcgcaagg	atcacctcac	780
ccggcatacc	aagaagaccc	actcacagga	gctgatgaaa	gagagcttgc	agaccggaga	840
ccttctgagc	accttccaca	ccatctcgcc	ttcattccaa	ctgaaggctg	ctgccttgcc	900
tcctttccct	ttaggagctt	ctgcccagaa	cgggcttgca	agtagcttgc	cagctgaggt	960
ccatagcctc	accctcagtc	ccccagaaca	agccgccagc	cctatgcagc	cgtgcccaga	1020
gtccctggcc	tccctccacc	cctcggtatc	ccctggctct	cctccggccac	cccttcccaa	1080
tcacaagtac	aacaccactt	ctacctcata	ctccccactt	gcaagcctgc	ccctcaaagc	1140
agatactaaa	ggttttttga	atatcagttt	gtttgaggac	ttgctctctg	aagagcctca	1200
gtcacctcaa	aagctcaacc	caggttttga	tctggctaag	ggaaatgctg	gtaaagttaa	1260
cctgcccaag	gagctgcctg	cagatgctgt	gaacctaaac	atacctgctt	ctctggacct	1320
gtcccccttg	ttgggcttct	ggcagctgcc	ccctcctgct	acccaaaata	cctttgggaa	1380
tagcactctt	gcccgtgggc	ctggggaatc	tttgccccac	agggttaagct	gtctggggca	1440
gcagcagcaa	gaacccccac	ttgccatggg	cactgtgagc	ctggggccagc	tccccttgcc	1500
ccccatccct	catgtgttct	cagctggcac	tggtctctgc	atcctgcctc	atttccatca	1560
tgcattcaga	taattgattt	ttaaagtgtg	ttttctgtat	tctggaagat	gttttaagaa	1620
gcattttaaa	tgtcagttac	aatatgagaa	agattttggaa	aacgagactg	ggactatggc	1680
ttattcagtg	atgactggct	tgagatgata	agagaattct	cgaactgcat	gtattgtgcc	1740
aatctgtcct	gagtggtctt	gctttgtacc	aaattttaatg	aacgcgtgtt	ctgtaatcaa	1800
actgcaaata	ttgtcataac	caacatccaa	aatgacggct	gctatatata	agtgtttgtc	1860
atatggaatt	taatcgtaa	ccatgatcat	aatgttaact	aaataacttt	atgtgtccact	1920
gcctagttaag	ggaactatgg	aaagggtttg	atttctccaa	atctggggaga	attttcaaaa	1980
taagaaaata	acctttatat	gatatactat	gaactaggctg	tgtattttct	ttcagggatt	2040
tttctacctt	caggggttga	tgtagttagt	ttactattac	catagccaac	ctgtagtttt	2100
acatatacat	tttctgtgtg	agcaatagag	ttctccattt	tacagaagca	tttttaaatgt	2160
agtttgaaata	ttttccacaa	gatgctgcaa	tgtgagttat	caottcattt	atcttaaaaga	2220
aagactaaaac	tggttgtcag	ttacatctga	cagaaaaaaa	aaaaaaatca	ctgtgttaacc	2280
aggtttaagt	gtaaaaataat	ccaggcgctca	gtcaaaaggca	ttttgctgac	tttaatatgt	2340
atttatattt	taacaggaat	ttaaagaaaat	attactggaa	ttaaaaatat	atatatatta	2400
aacaagaatt	ttcttctgct	tgtctagctt	aaactactac	tcaagctgtt	taagttctta	2460
agtattgttt	gtaatccacca	ataaataaagt	gcatttgttaa	ttcatcagtc	attattagct	2520

- (A) LÄNGE: 833 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca  tgagccactg  taccagcct  ttccttataa  aattcaaaga  gaaaatttct  60
acacctttat  cectcaaata  aaacaagtgc  tcagttctta  ccgtgccctt  gcaaggtota  120
tatgtaaaag  aaatctgaaa  tttagctgta  gaataaaaact  tgataaataa  aaagaaaaaa  180
catacathtt  tccagtttgt  ttgctctttg  cttgttgaag  taataaaccg  ttttaaagag  240
aaaatacttg  ctgtaaaccc  ccagtgcctt  caactctttt  ggcagaatat  ttttaaagaa  300
atccagcaag  caaaccttga  ggtgctaagt  aaagtaaagg  aaggtgggat  ttctagtttt  360
ggcagaaatg  aaaagtgtct  cacaagagac  atcactaccc  acgtgggggt  tggctgcttt  420
ctaccaaaag  catttagaga  agaagtgaat  tgagtcaggg  tgatggtgaa  cactacatat  480
tttataagtg  gtttaagttg  gaattaatta  tgtttatcat  ggatggctac  taataccaag  540
ctcatgattg  ttgcagcctc  aacgtcttag  gcagtaaaac  ttgtctgcag  cactaaaggg  600
ggagaaaccc  ttatatattt  caaactgtcc  attcgttaaa  tttattgtaa  cctaatacca  660
aaaactgccg  tttttcatat  tatttcccc  cctcctactt  tttttttttt  tttttgctac  720
ttgtaaaata  accccttcta  gaaaataagc  attaaactga  atgtttcaaa  caattttgct  780
tcattttact  atcagccact  agtgaactct  tacagagatg  tacattttaag  ataaaattag  840
cttgtgctaa  gtgtttttaa  aacattgttt  actgttaaa  ggaatttga  catttatatt  900
aactgggatt  gctccctccc  tcagttcttt  aaaaaacaag  agtcaaggct  cacaccaact  960
tgtaggctgt  gggagctttg  ccataggtag  atacaatgta  gaagtatact  tttttaaaag  1020
atgaagaaga  caaggaaact  cattataatg  taccaggtag  aggacattat  tattcaaagg  1080
attatgcaca  gctcagtga  gatgaagtta  caatttttct  cgcagctttg  ttgctattat  1140
tttctttctg  ataaatgtat  gctcatttca  ttatgtgcct  tgctccctga  ttgtgcaaag  1200
cttatatata  tatatatata  gatagataga  tagatagata  gatatatgag  agagatatat  1260
tcagtactac  tgaggatgtt  tttctgagga  tgtttttgtt  ctgctggatt  aagttatttt  1320
ccaagttact  cttgccagtt  atgtcagtaa  actattgtaa  tggcttagca  cactagtcgt  1380
acagtcagtg  taaatgtttt  tcattttacat  gttttcatta  tatcagctta  tcaaatoctt  1440
aataaaaaaa  attcatagat  ttcattttaa  c  1471

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

agataactgca	gtgaaagccc	aagtccttgg	aaagctttccc	cagtgaagga	ctgactgggg	720
gcctcacgct	taactggtag	tgcccacaag	cctggcagct	gtagagccgc	gaacctcccc	780
acacctcccc	caccgcgcag	gaccttgagt	gaggaggagg	agctggaaac	ctgggggtggg	840
ttggccaaag	gagaacctca	agctcctggc	ctgatccagc	tccttcctgc	ccaaggcagc	900
ttagcccatc	cagaactggtc	ctgaagtctg	tccctccatt	ggcatgaagt	ctgccccctca	960
gcagtcocgc	ctcacaggct	gtactttcat	ggtgctctct	accttctggc	ccccatccca	1020
gaacattcgt	gagtgaattc	gcaagcatat	tagcatgtga	tattaggagg	tttgcaataa	1080
attattgatg	ctgatgtaaa	aaaaaaa				1107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 585 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

gtgaatatgt	gtgtatatgt	gtgtgtatgt	gtgtgtgggg	tttggggtag	aaggaggagg	60
gggggcagga	cagtgtggaa	tctctagggt	gtatgggtag	gtagggggca	cagttagtct	120
taagtgggct	tttatgctaa	aagcctctgg	ggatatctgt	tttgaaaata	aagatagggtg	180
tcccttcctt	gctgtcatct	agcccagaca	ctctgcttgc	tctctggctg	tctgtccctt	240
gggaaggcct	taggaggacc	accaggaca	ggatgacct	gctgccatct	gctctggagc	300
tgggtctcag	tgcaagagg	cagtgaactgt	ggatgggttc	agtctctggg	gggagggtgag	360
gatagaagtg	ataaaagagct	aagaggagct	tctgggagcc	ttggaggagg	tcagtcttgc	420
agtggtgaag	ccaggacata	ggagatggag	cagggctgtg	agaggaggag	attctgagga	480
ggatgcaggg	gaaatcttgt	ctgttaatga	aatagggggtg	gggtgggggt	tgggtggggg	540
tggtcattgc	cgtttgagct	gctgattttc	atgagtcgcc	ttcaaaaactc	tcgtgtaggg	600
ttgacaatgt	gggggggtgg	gggatccagc	ttattctttt	attttcaagt	ccattcttgg	660
ggctggtggg	gaggcaggag	aatacccttc	cctaagccct	tagtgtgtgc	cgagcttgc	720
ttgtgatgtt	ggcaggggag	gggagacctg	ggtggtgact	gagttccctt	tatcaaaacc	780
ttcaatgggc	acaaaattga	gtgcttgatt	ttaggtttta	tttttttatg	aatgtccaaa	840
tctgtgtttc	ccctgcctt	cccagactgt	gtggccagtt	gaaagtgtct	ggtttgtgtt	900
catctctccc	tcatttctgg	agcagggcct	gagacctgc	cacatctcct	atgctctgca	960
tccacgcctc	ttttggacat	taaaggttga	ttgatgcaaa	acaactttac	aacgggggtg	1020
cttggggaag	cctgggggtg	gccggcttat	gggggtgcgg	cg		1062

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

TCAGCTGTAT TTCCAGTAAC ACAGCATCAT CGCACTGACT GTGGCGCACT GGGGAATAAC 1680
AGTCTGAGCT AGCACCACCC TCAGCCAGGC TACAACGACA GCACTGGAGG GTCTTCCCTC 1740
TCAGATTAC CTGGAGGCC TCAGACCCC AGGGTGCACG TCTCCCAGG TCCTGGGAGT 1800
GGCTACCGCA GTAGTTTCTG GAGAGCACGT TTTCTTCATT GATAAGTGGA GGAGAAATGC 1860
AGCACAGCTT TCAAGATACT ATTTTAAAA CACCATGAAT CAGATAGGGA AAGAAAGTTG 1920
ATTGGAATGG CAAGTTTAAA CCTTTGTTGT CCATCTGCCA AATGAACTAG TGATTGTCAG 1980
ACTGGTATGG AGGTGACTGC TTTGTAAGGT TTTGTCGTTT CTAATACAGA CAGAGATGTG 2040
CTGATTTTGT TTTAGCTGTA ACAGGTAATG GTTTTGGAT AGATGATTGA CTGGTGAGAA 2100
TTTGGTCAAG GTGACAGCCT CCTGTCTGAT GACAGGACAG ACTGGTGGTG AGGAGTCTAA 2160
GTGGGCTCAG TTTGATGTCA GTGTCTGGGC TCATGACTTG TAAATGGAAG CTGATGTGAA 2220
CAGGTAATTA ATATTATGAC CCACTTCTAT TTACTTTGGG AAATATCTTG GATCTTAATT 2280
ATCATCTGCA AGTTTCAAGA AGTATTCTGC CAAAAGTATT TACAAGTATG GACTCATGAG 2340
CTATTGTTGG TTGCTAAATG TGAATCACGC GGGAGTGAGT GTGCCCTTCA CACTGTGACA 2400
TTGTGACATT GTGACAAGCT CCATGTCCTT TAAAATCAGT CACTCTGCAC ACAAGAGAAA 2460
TCAACTTCGT GGTGATGG GGCCGGAACA CAACCACTCT TTTTGATTTT ATTGTTACTG 2520
AGACAAAACA GTACTCACTG AGTGTTTTTC AGTTTCCTAC TGGTGGTTT GATATTGTTT 2580
GTTTAAGATG TATATTTAGA ATGACATCAT CTAAGAAGCT GATTTTGCTA AACTCCTGTT 2640
CCCTACAATG GGAAATGTCA CAAGAATGTG CAAAAATAAA AATCTGAGGA AAAAACCCTAA 2700
AAAATTCCTA AAGAGAATG 2719

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 786 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggcccggggca gcccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccggggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc 120
cccgggtgaag agaagctcgc ccataccggg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcggtatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatcctgc tggagagcga caagaagctc 300
accaggaac aagtatctga caggggacga ggcacccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac ataactccctt tcctatgata 480
tgcaactgctg tggggccaag cgcatcatga aggaagcttt ccgctgggcc ctcttcagca 540
tgcaggccac agggcacgta ctgcttgga cctcctgta cctgcagcag ctccctcgatg 600
ctacggagga agggcagccc cccaagggca aggcctcctc ccttatcccg acctgtctga 660

```

CTTTCACGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660  
 TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720  
 AAGTAAAAGG A 731

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60  
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120  
 TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180  
 TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240  
 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCTT TTTTACTTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300  
 TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAAGG 360  
 CACTGCAATT TTATTTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420  
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480  
 TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540  
 TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600  
 AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660  
 TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCTT TAGGAAAAAA TTAGTTGCCA 720  
 TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780  
 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTCA ATTCTATTTG 840  
 CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATT 900  
 CATTTTGTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960  
 CAGTTCTTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020  
 CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080  
 GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140  
 GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCTT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200  
 CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260  
 ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320  
 GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380  
 GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440  
 AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTCAATTGGA TTCATTTTAT 1500  
 TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560  
 GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTTAGT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620

```

GCCCCGGGGCC GGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTC AAAATTGAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGTGTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCTTTT CATTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTCTC 540
ATTTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAAC TAAGTTAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTT TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A                                                                                   1081

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1318 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCGATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCGCGAC CAGCCGCGCG 120

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

ATTGCATCAG CCCGCTGGA AGAAGTCACT GGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCAAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCGCAAGCTG TCCGTCACTCT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTTCGCT TGTGGAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCCTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TGCCTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCG GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCATATGA GGACTTCCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCAGTCCA CACCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGCGGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATCACCAG GCCAGGGAGT GGTTCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAG 1740
AGCGAGGAGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGGCCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG:      Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen:    154

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

##### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

##### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**DNA-Sequenz**  
**S q. ID. No.**

69

71

72

74

76

**Peptid-Sequenz**  
**S q. ID. No.**

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

**DNA-Sequenz n**  
**S q. ID. No.**

**P ptid-Sequenz n**  
**Seq. ID. No**

30

105

106

107

31

108

34

109

110

111

112

37

113

42

114

43

115

116

117

45

118

119

120

121

48

122

123

50

124

125

51

126

52

127

53

128

54

129

57

130

131

58

132

133

59

134

135

136

60

137

61

138

62

139

140

141

63

142

143

144

145

64

146

65

147

68

148

## TABELLE II

## DNA-Sequenzen

## Seq. ID. No.

1

2

3

4

5

10

11

12

13

14

15

18

19

20

21

22

23

24

25

28

## Peptid-Sequenzen

## Seq. ID. No.

77

78

79

80

81

82

83

84

85

86

87

88

89

90

91

92

93

94

95

96

97

98

99

100

101

102

103

104

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
76	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	296	2419	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
70	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human lipoprotein lipase	225	2939	Chrom. 8
71	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich neues humanes Gen mit eine DNA-Box, die für eine SH3-Domäne kodiert (SH3-Protein), diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation	263	1950	
72	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt, auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A	240	814	
73	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasenngewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes humanes Gen, das mit Drosophila "frizzled" verwandt ist, es spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis)	404	3216	
74	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des Maus Sox-18 Gens, die Sox-Gene stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse wie z.B. die Sex-Determination (Sox9) mitsteuern. Sox-Gene weisen eine so.g HMG-Box ("high mobility group") auf, Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor")	264	747	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
61	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Mouse Kryn	225	2952	Chrom. 4
62	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	223	2313	unbkt.
63	im Brustnormalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der PDGF-Rezeptorfamilie	192	1650	unbkt.
64	im Brust- und endokrinem Normalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Pig UMP-CMP Kinase	223	2851	human STS SHGC-36697
65	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	221	1071	unbkt.
66	im Brustnormalgewebe erhöht	human cAMP phosphodiesterase mRNA	199	2375	
67	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human antigen CD 36	221	1823	unbkt.
68	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homolog to Schizosaccharomyces pombe sad1+ gene; Spindle pole body protein	248	2403	unbkt.
69	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	230	1246	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
55	im Brustnormalgewebe erhöht	human mitochondrial aldehyde dehydrogenase I	321	2036	Chrom. 12, D12S84- D12S369
56	im Brust- und Gehirnnormalgewebe	human mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase	269	1265	Chrom. 4
57	im Brustnormalgewebe erhöht	prepro-melanin-concentrating hormone	247	274	unbkt.
58	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	270	2073	Chrom. 2
59	in Brust- und Prostata normalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der humanen tob- Genfamilie	205	850	unbkt.
60	in Brust- und Blasen normalgewebe erhöht	unbekannt	229	2091	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrosom. Lokalisat.
48	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	157	2192	unbkt.
49	im Brustnormalgewebe erhöht	human ras-like protein	305	2952	unbkt.
50	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	188	615	Chrom. 7
51	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	290	1488	
52	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	174	1304	Chrom. 11
53	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	289	2262	unbkt.
54	im Brustnormalgewebe erhöht	Homologes zu human B4-2 protein mRNA	306	1301	Chrom. 6

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
43	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	259	1025	Hum. Chrom. 10 zw. D10S222u. D10S597 (131-137 cM)
44	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe,	c-myc Proto-Onkogen	339	1219	Hum. Chrom. 8 zwischen D8S263 u. D8S284 (140-142 cM)
45	ca. 9x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise humanes Gegenstück eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus	328	538	unbkt.
46	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Profilin II, es spielt eine Rolle beim Zusammenbau des Zytoskelleths und möglicherweise auch bei der zellulären Endozytose	240	1776	Hum. Chrom. 3 zwischen D3S1555u D3S1299 (169-171 cM)
47	im Brustnormalgewebe erhöht	human placenta copper monamine oxidase	256	360	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
39	ca. 21 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint es im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	247	1036	STS nicht gemappt
40	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Prostatagewebe als im entpr. Tumorgewebe, ca. 6 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes extrazelluläres Protein S1-5	265	2659	Hum. Chrom. 2 zw. D2S2371u. D2S388 (107-111 cM)
41	ca. 15x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Lipoprotein-Lipase	252	2939	Hum. Chrom. 8p21 (s. Literatur)
42	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes "frizzled-related protein", also ein Gen, das im "wingless-pathway" ("frizzled" ist der "wingless"-Rezeptor) eine Rolle spielen könnte	273	3670	STS nicht kartiert

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom Lokalisat.
33	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Mi-2 Autoantigen, vermutlich eine Helicase, die die Transkription aktiviert	244	1393	Hum. Chrom. 12 zw. D12S93u D12S77 (12- 21 cM)
34	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	258	1236	unbkt.
35	ca. 10 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe und ausschl. in Brust exprimiert	humanes "obese protein" (ob)	237	749	Hum. Chrom. 7
36	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Duffy-Antigen (DARC-Gen)	271	1251	unbkt.
37	ca. 8 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise ein neues Mitglied der Familie der Adipophiline, dies sind Fettspeicher- assoziierte Proteine	199	3283	unbkt.
38	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Semaphorin E, vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis- Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz	240	2720	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-	Länge der angemel.	Chromos. Lokalisat.
28	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	mäßige Homologie zur Glutamat-bindenden Untereinheit des NMDA-Rezeptors, möglicherweise humanes Gegenstück des Drosophila NMDA-Rezeptors assoziierten Proteins	244	1768	unbkt.
29	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes $\beta$ -Spectrin	247	3479	STS nicht gemappt
30	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	88	933	unbkt.
31	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	wahrscheinlich humanes Gegenstück des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (AREBP-2)" von Cricetulus griseus	269	2783	Hum. Chrom. 12 zw. D12S1648u. D12S1620 (53-65 cM)
32	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Protein Kinase A Anker-Protein; bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A	265	3411	Hum. Chrom. 17 zw. D17S790u D17S794 (75-84 cM).

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
14	im normalen Brust- und Prostatagewebe erhöht	unbekannt	225	1710	unbkt.
15	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	228	3159	unbkt.
16	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner nukleärer Faktor I-B2	249	1708	unbkt.
18	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Dermatoxin	188	1722	unbkt.
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	287	1612	unbkt.
20	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	144	387	unbkt.
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1304	unbkt.
22	im normalen Brustgewebe erhöht	verwandt mit humanem inter-alpha-trypsin Inhibitor H (3)	288	1533	unbkt.
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	204	1304	unbkt.
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	291	2403	unbkt.
25	im normalen Brust- und Ovarialgewebe erhöht	unbekannt	286	2517	Chrom.2, D2S155-D2S2382
26	ca. 9 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors	268	1668	unbkt.
27	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	Collagen IV (Alpha-Kette)	238	1416	Hum. Chrom.13 (D13S1315)

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
1	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner Prä-mRNA splicing Faktor	205	2031	unbkt.
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1081	Chrom.3, D3S1265- D3S1311
3	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des Perilipin A aus Ratte	247	1318	unbkt.
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	256	731	unbkt.
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	237	2719	Chrom.15, D15S120- 15qter
10	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des fsp-27	310	786	Chrom.3, D3S1597- D3S1263
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	239	1062	Chrom.17, D17S787- D17S792
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	241	1471	Chrom.2, D2S315- D2S2237
13	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes LOT1	214	2738	unbkt.

- Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
- 5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid--Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
35	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0059	0.0077	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1090			
35	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
35	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
10	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
35	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
45					
50					
55					
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
30	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
50	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0155
60		

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7191
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0648			
	Roden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0697			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0271			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0155

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515
30	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines Gewebe	0.0490
50	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	3.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0373	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0059	0.0011	5.4187	0.1845
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0446	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0208	0.0068	3.0391	0.3290
20	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0383			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0102	3.1823	0.3142
	Brust	0.0573	0.0109	5.2596	0.1901
	Eierstock	0.0334	0.0078	4.2849	0.2334
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0218	1.5907	0.6286
	Gastrointestinal	0.0465	0.0238	1.9542	0.5117
10	Gehirn	0.0263	0.0361	0.7272	1.3752
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.1139	0.0647	1.7598	0.5682
	Herz	0.0424	0.0550	0.7707	1.2974
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0473	0.0236	2.0015	0.4996
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7560	1.3228
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
20	Niere	0.0654	0.0274	2.3879	0.4188
	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0277			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0542			
60					
65					

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefasse	0.0082			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

2

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
50	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0245
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0297
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0251
	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0615
	Hoden	0.0234
55	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0171
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.1494	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.1472
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0408
	Eierstock-Uterus	0.0274
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0234
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0281		0.1653	6.0490
	Brust	0.0120		0.0022		5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030		0.0104		0.2922	3.4228
	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0245		0.5954	1.6797
10	Gastrointestinal	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0432		0.0142		3.0369	0.3293
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0847		0.0587	17.0262
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0159		0.0137		1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0037		0.0165		0.2257	4.4300
20	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0180		0.3807	2.6269
	Niere	0.0178		0.0068		2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0057		0.0055		1.0285	0.9723
30	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0064		1.8644	0.5364
	Uterus	0.0066		0.0214		0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
35	Duennndarm	0.0156					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
45							
50							
55							

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0615
Gastrointestinal	0.0062
Gehirn	0.0250
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefasse	0.0164
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0320
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0389
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0261
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0310

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0143	0.1357	7.3686
10	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0062	0.0118	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
20	Niere	0.0119	0.0068	1.7366	0.5758
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			